

```
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/1aa/6B_COMB.pep:US-09-413-814-79
seq_documentation_block:
; Sequence 79, Application US/09413814
; Patent No. 6225064
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Gesellschaft fuer Biotechnologische Forschung mbH
; APPLICANT: Bristol-Myers Squibb, Co.
; APPLICANT: Beyer, Stefan
; APPLICANT: Bloecker, Helmut
; APPLICANT: Brandt, Petra
; APPLICANT: Cino, Paul M
```

```
; APPLICANT: Dougherty, Brian A
; APPLICANT: Goldberger, Steven L
; APPLICANT: Hofle, Gerhard
; APPLICANT: Mueller, Joachim
; APPLICANT: Reichenbach, Hans
; TITLE OF INVENTION: DNA sequences for enzymatic synthesis of polyketide or
; TITLE OF INVENTION: heteropolyketide compounds
; FILE REFERENCE: PCR/US 99/23535
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/413,814
; EARLIER FILING DATE: 1999-10-07
; EARLIER APPLICATION NUMBER: DE 198 46 493.2
; EARLIER FILING DATE: 1998-10-09
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 107
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 79
; LENGTH: 1213
; TYPE: PRN
; ORGANISM: Sorangium cellulosum
US-09-413-814-79

alignment_scores:
  Quality: 130.00      Length: 413
  Ratio: 0.774        Gaps: 19
  Percent Similarity: 40.678      Percent Identity: 25.908

alignment_block:
US-09-303-518d-131 x US-09-413-814-79  ..
Align seg 1/1 to: US-09-413-814-79 from: 1 to: 1213

270 CGTGATTGCGCGTTCAAGCGCAACGACGAAATCGAGTTCGACGCTACGTCAC 319
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
188 ArgAspAlaArgArgArgArgArgArgArgArgArgArgArgArgArgProAr 204
320 CTGAAGCGCTGGCAAAATGAGCAGCAGCAAGAAAGTGCAGCCCAACCTGATT 369
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||
204 gLeuGlySerGlyAlaLeuAlaArgAlaArgGlyAlaArgAlaGlyAspA 221
370 CAATCAGCGCTT.....ATGAGTCGCGCTTCGCGCCCGCTCGCTTCAG 410
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||
221 rgValGluLeuGlyProGlyAlaAspGlyAspAlaHisGlyArgValPro 237
411 CAA.....AATCCCTGCGTAGATGCGGAGCGCTTCGCCAT...CTTCG 451
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||
238 ArgArgGlyArgProGlyAlaValAlaValAlaProArgHisAspGluAr 254
452 TCAATGCGATGGACCAATCCGCTGCGTGGCTGCCGACCTACGGTCATCATC 501
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||
254 gArgLeuAspProAlaGluAlaProArgSerHisProArgGlyLeuProA 271
502 AAAGAACGCCCGAGACTTCAACAGCGCGCTGTTGGTATTGAG.....545
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||
271 rgAlaProArgGluProArgArgArgArgArgArgGlyValAspLeuVal 287
546 .....CGCCTGACCGAACGTAATCCATGTGTGTAAGCAGCAGCGCG 589
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||
288 AspArgProProAspArgGlyArgArgProGlyValAlaGlnHisProLe 304
590 CAGACGTCGCGCTCGAAATGCTGCCAATATCGAAACACATGAATTGGC 639
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||
304 uArgProProAla.....ArgG 310
640 GGCCGCGATCTCGCGGCTTGAAGTGGCAGCAGCATTCATT...CATCGA 686
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||
310 luProAlaHisLeuArgAlaArgGlyAlaGlyAlaValSerAspArg 326
687 GCCAGTCGCGCGAATAAAACCGTGTGGACCATCAA.....722
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||
327 GlyProArgAspProHisArgArgAspArgArgAlaArgIleLe 343
722 .....722
```

```

alignment_scores:
  Quality: 115.50      Length: 467
  Ratio: 0.683        Gaps: 15
  Percent Similarity: 36.188  Percent Identity: 23.126

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-09-413-814-78  ..

Align seg 1/1  to: US-09-413-814-78  from: 1  to: 882

99  CGAAGATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGGTGAAG 148
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
408  ArgArgLeuAlaArgArgAspProGlyAspValProAspProArgAlaAl 424
|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
149  CCTCTAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAAGACAAAAGAAATCCGGCGCTA 198
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
424  aArgArgAlaProAlaAlaGlyAlaLeuProGlyAlaAspGlyArgG 441
|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
199  GTATTTACTGCGCGCGCTTCAGGCAGCAAAATCGCGCTATTTCACCGTGGGA 248
|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
441  lyAlaArgGlyProGly.....ArgArgAlaProArgArg 453
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
249  AAAGCGGTACTTCAGTCAAGTCTGATGTCCTTGAAGCAACACGACGAAA 298
|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
454  GlyAlaAlaAlaArgValProAspArgAlaAspProProArgArgPr 470
|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
299  TCGAGTTCGAACGCTACGTACCTCGAAGCGCT..... 329
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
470  oAlaProAlaValAlaArgAlaAlaProAlaValAlaArgArgSerAlaA 487
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
330  .....GGC 332
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
487  rgAlaGlyGlnProGlyValGlnHisProValArgGlyAlaArgAspGly 503
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
333  AAAATTGACGACGGAAGTGCGCCGCAACTGATTCAATCAGGCTTAT 382
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
504  ProAlaAlaArgArgAlaProProGlnProAlaValAspArgAlaAl 520
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
383  GGACTGCGCTTCGCACCGCTCGTTCACCAAAAT.....C 417
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
520  aProArgGlyAlaAlaAspAspValGlnArgGlnGlyArgArgAlaValP 537
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
418  CTTGCGGTAGATGCGGACCGCTTCGCCCATCTTCGTCAATGCGATGGACAC 467
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
537  roGlyArgAlaArgGlyProGlyAlaValProAspValArgProArg 553
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
468  CAATCGCTGGCTGCGGACCCCTACGGTCATCATCAAGAAGCCGCGGAAG 517
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
554  AlaProArgGlyArgGlyProArgArgGlyGlyLeuGlyAlaArgProAr 570
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
518  ACTTCAAAACGGCGCTGTTGGTATTGAGCCG.....CCTGACCGAA 558
|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
570  gGlyGluProArgAlaValArgProGluProArgAlaAlaProProArg 587
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
559  CGTAAATCCATGTGTAAAGCAGCAGCGGCGACACGTGCGCTCTGAAA 608
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:

```

```
seq_documentation_block:
; Sequence 2, Application
```

```
; Patent No. 6242585
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Srivastava, Ranjana
; APPLICANT: Kumar, Deepak
; APPLICANT: Srivastava, Brahm Shanker
; TITLE OF INVENTION: MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS SPECIFIC DNA FRAGMENT
; FILE REFERENCE: U 011876-4
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/156,836B
; PRIOR FILING DATE: 1998-09-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 08/997,897
; PRIOR FILING DATE: 1997-12-24
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 7
; SOFTWARE: PatentIn ver. 2.0
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 430
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Mycobacterium tuberculosis
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (4)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (6)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (20)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (29)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (54)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (64)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (69)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (114)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (119)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (129)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (159)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (169)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (182)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (185)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (219)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (259)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
```

```
; LOCATION: (269)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (291)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (323)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (339)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (349)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (356)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (366)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (410)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (421)
; OTHER INFORMATION: amino acid has not been identified
; US-09-156-836B-2
```

```
alignment_scores:
  Quality: 108.50      Length: 476
  Ratio: 0.599        Gaps: 26
  Percent Similarity: 38.025  Percent Identity: 23.109

alignment_block:
  US-09-303-518D-131 x US-09-156-836B-2  ..

Align seg 1/1 to: US-09-156-836B-2 from: 1 to: 430
```

```
32 CCATCGCGGCGAGACCGAGCAAGTCAATTATGACGGCCGCGCATACC 81
  |||::: ||| ||| |||::: |||::: |||::: |||::: |||
5 Pro**SerCysArgArgArgSerLeuArgCysValArgGln**Pr 21
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
82 GAATCGCGGTGCTTGGCGAAGAATATGTCGCATGCGCCCTCGATGAA 131
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
21 oSerAlaArgCysLeuTrpGly**IleGlySer.....G 33
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
132 AATCAAGGAAGGTG.....AAGCGTCACAAA 157
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
33 lyAspArgGluIleAspGlyGluSerGlyProGlyTyrArgProPro 49
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
158 AAGGCCAAGTCTGTTGAAGACAAAAGAAATCCGGCGGTAGTATTACT 207
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
50 ArgSerHisCys**SerArgProCysArgLysArg.ArgTyr**ArgC 66
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
208 GCGCGCGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTTCACCG..... 242
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
66 ysArgAsp***ArgSerArgCysTyrCysHisProGlyTyrSerCys 82
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
243 ...TGGGAAAGCGGTACTTTCAGTCAGTCGTGATTGCCGTGAAGCA 289
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
83 TyrTrpCysHisProArg**SerCysArgCysTyrCysTyrArgArg 99
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
290 ACGACGAAATCGAGTTCGAACGCTAGTACCTGACCGCTGCAAAATG 339
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
99 *SerArgArg..... 102
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
340 AGCAGCAAAAAGTGCAGCGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGACTGC 389
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
103 .....Cys 103
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
390 GCTTCGACCGCTCGCTTTCAGCAAAATCCCTGCGTAGATCGCGCGCT 439
  |||::: ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
```

1142 ATGACGGCGTAATCGCTGTGGACATCTGCTACCTTGTCTTTTTCGCGCAT 1191  
 394 sTrpHisArgSer.....G 400  
 1192 TTAATCGTCGCGCATACCGACAGCGC 1217  
 400 lySerArgThrArgTyrArgHisArg 408  
 seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/1aa/6A\_COMB.pep:US-08-936-135-4  
 seq\_documentation\_block:  
 : Sequence 4, Application US/08936135  
 : Patent No. 6054293  
 : GENERAL INFORMATION:  
 : APPLICANT: Tessier-Lavigne, Marc  
 : APPLICANT: He, Zhigang  
 : APPLICANT: Chen, Hang  
 : TITLE OF INVENTION: Semaphorin Receptors  
 : NUMBER OF SEQUENCES: 26  
 : CORRESPONDENCE ADDRESS:  
 : ADDRESSEE: SCIENCE & TECHNOLOGY LAW GROUP  
 : STREET: 75 DENISE DRIVE  
 : CITY: HILLSBOROUGH  
 : STATE: CALIFORNIA  
 : COUNTRY: USA  
 : ZIP: 94010  
 : COMPUTER READABLE FORM:  
 : MEDIUM TYPE: Floppy disk  
 : COMPUTER: IBM PC compatible  
 : OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
 : SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30  
 : CURRENT APPLICATION DATA:  
 : APPLICATION NUMBER: US/08/936,135  
 : FILING DATE:  
 : CLASSIFICATION: 435  
 : ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
 : NAME: OSMAN, RICHARD A.  
 : REGISTRATION NUMBER: 36,627  
 : REFERENCE/DOCKET NUMBER: UC97-288-2  
 : TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
 : TELEPHONE: (650) 343-4341  
 : TELEFAX: (650) 343-4342  
 : INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:  
 : SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 : LENGTH: 2584 amino acids  
 : TYPE: amino acid  
 : STRANDEDNESS: single  
 : TOPOLOGY: linear  
 : MOLECULE TYPE: peptide  
 : US-08-936-135-4  
 alignment\_scores:  
 Quality: 106.50 Length: 432  
 Ratio: 0.552 Gaps: 22  
 Percent Similarity: 44.676 Percent Identity: 24.074  
 alignment\_block:  
 US-09-303-518D-131 x US-08-936-135-4 ..  
 Align seg 1/1 to: US-08-936-135-4 from: 1 to: 2584  
 16 AAAGTCTAAATCTGCCATCGCGGACGCGGACGAGCAAGTCATTATGA 65  
 1352 GluGlyLeuAsnValAlaLeuAlaSer...ProLeuGluGlyLeuTyrAl 1367  
 66 CGGCCCG.....GCCATTACCGAAGTCGGTTCCTT...GGCG 100  
 1367 aSerProGlyLeuLeuTyrSerIleLeuGluValAlaLeuAlaArgGly 1384  
 101 AAGNATATGTCGCATCGCCCTCGATCAAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150  
 104 CysSerCysProCysCys...ArgSerProCys\*\*\*SerArgArg..... 117  
 440 TCCCCATCTTCGTAATGCGATGGACACCAATCCGCTGGCTGCCGA..... 485  
 118 .Arg\*\*\*GlyCysProCysCysSerCysGlnHis\*\*\*GlyCysArgTyrC 134  
 486 .....CCCTACGGTCAATCAAGAACGCCG..... 512  
 134 ysArgTyrProGlySerArgTyrProSerSerArgCysProSerLeuArg 150  
 513 .....CGAAGACTT.....CAAACGGCGCTGTGGTATTGAGCCGCC 550  
 151 CysArgArgPheArgCysProArg\*\*\*ArgCysGlnArgTyrTrpCysPr 167  
 551 TGACCGCAACGTAATAAT.....CCATGTGTGTAAGACGACGAG..... 587  
 167 oAsn\*\*\*ThrGlyArgCysArgCysProSerSerArg\*\*\*GlnT 184  
 588 .....GCAGACGTCGCTGGAATGTCGCCAA 617  
 184 yr\*\*\*SerProAlaGlyCysArgArgThrAlaArgCysArgCysCys 200  
 618 TATCGAACACATGAATTTGGCGGCCCGCATCCTGCCGGCTTGAG...TG 664  
 201 CysArg.....CysTrpArgThrArgCysCysCysArgCysTr 214  
 665 GCAGGCATCATTTTCATCGACCCAGTCGCGCGAATAAACCCTGTGG 714  
 214 pGlnSerLeuGly\*\*\*SerArgProArgSerArg..... 225  
 715 ACCATCAATATCAAGACGCTGATGCTATCGGACGTTTGTCTGAACAGG 764  
 226 .....SerArgArg...CysSerArgArgPheGlnAsnArg 237  
 765 CCGTCTGAATACGACGCGCTGT.....TGCTTTGGCGGCC 802  
 238 CysCys.....ArgSerArgGlyPheArgGlyCysSerPhePr 252  
 803 TGCAAGTCAACAAACCGCCTCTTGGTACCGCTTTGGTGGCGAAGTG\* 852  
 252 oGlyPheArgAsnArgHis\*\*\*IleLeuArgCysPheHisCysArgTyr\* 269  
 853 TCTCAACTTACCGCGCGAATGTTGTGACGCGGACACCGGTGATTTC 902  
 269 \*\*SerCysArgArgCysArgCys.....ProArgCysPhe 280  
 903 .....CGGTTCGG 910  
 281 GlyCysArgGlyCysArgCysGlnGlyCys\*\*\*SerHisArgArgPheAr 297  
 911 TATTGAACGGTGC.....GATTGCACAA 933  
 297 gcysArgGluCysCysAsnCysArgCysTrpArgCysArgGluCysSerA 314  
 934 GCGCGCATGATTATTGGG.....ACG 956  
 314 rgArgProGlyLeuProGlyArgAsp\*\*\*ArgProValGlyHisArgLys 330  
 957 CTACCAACATCAGATTTCCGTTATCGAAGAGCGCGCAAGAGCTGT 1006  
 331 lleProThrCysCysPheArgCys\*\*\*ArgSerProArgSerArgProAl 347  
 1007 TCGGCTG.....GGTTCGCGCGGACGGGACAAATACTCCATCAGC 1047  
 347 Aleu\*\*\*TrpProProGlySerCys\*\*\*ThrAsnProIleArgCysCysP 364  
 1048 CGCACCACTCTCGGCATTTCTTAAACAAACAACTCTTCAAGTTCACGAC 1097  
 364 roSer\*\*\*SerArgProIleProAlaArgProArgLeu.....Pro 377  
 1098 AGCCGCTCAACGCGCGGACCG.....CGCANGGTTACCGATCGGCACCT 1141  
 378 GlvArgSerTyrArgTyrProProThrLysSerGlyArgSerGlnAsnCy 394

1384 lyleuTyValAlaLeu.....lleuLeuLuleLeuGluGlyLeuAsn 1398  
151 GTCAAAAAGGCGCAAGTGTGTGTTGAAGACAAAAGAAATCCGGCGCTAGT 200  
1399 GlyLeuTyGlyLeuTySer..... 1407  
201 ATTTACTGCGCGCTTCAGGCAAAATCCCGCTATTTCACCGTGGCGAAA 250  
1408 .....HisIleSerAla 1412  
251 AGCGCGTACTTTCAGTCAGTCGTGATTGCGTTCAAGGCAACGACGAAATC 300  
1412 rgGlyGlyLeuAlaSerAsnLeuTySerValAlaLeuProHisGluMet 1428  
301 GAGTTCGAACGC.....TACGTACT.....CA 323  
1429 GluThrAlaArgGlyLeuTySerProHisGluLeuTySerIleLeuG1 1445  
324 AGCGCTGGCAAAATTCAGCAGGCAAAAGTGGCGCGCAACCTGATTCAT 373  
1445 uAlaLeuAlaThrTyArgSerGluArgAla...SerAsnAla.SerAsn 1460  
374 CAGGCTTATGGACTGGCTGCTCCACCGCT.....TCAGCAA 414  
1461 GlyLeuTySerGluArgAlaSerProHisGluLeuTySerMetG1 1477  
415 ATCCCTGCGTAGATCCGAGCGCTTCCGCTTCG...TCAATCGCAT 461  
1477 uThrIleLeuGluMetGluThrAlaSerProAlaSerProSerGluArgL 1494  
462 GGACACCAATCCGCTGGCTGGCGGACCCCTACGGTCA.....TCATCAAG 505  
1494 euTySerAlaArgGlyLeuTySerAlaLeuAlaLeuTySerSerGlu 1510  
506 AAGCGG.....CGAAGACTTCAACGCGGC 531  
1511 ArgProHisGluGlyLeuGlyLeuTyAlaSerAsnAlaSerAsnAla 1527  
532 CTGTGTTGTTAGCGCGCTG..ACGAACGTAAATCCATGTGTGTAAG 580  
1527 rAsnThrTyArgAlaSerProHisGluThrHisArgProArgGlyLeuGlu 1544  
581 CAGCAGCGCGACGCTGCTGAA.....AATGCTGCCAAT 618  
1544 laArgGlyAlaLeuAlaProHisGluThrHisArgProArgLeuGluSer 1560  
619 ATCGAACAACATGATTTGGCGCGCCGCT..... 648  
1561 GluArgThrHisArgAlaArgGlyProHisGluIleLeuGluAlaArgG1 1577  
649 .....CTGCGCGCTTGAAT.....GGCA 667  
1577 yIleLeuGluThrTyArgProArgGlyLeuAlaArgGlyAlaLeuAlat 1594  
668 CGCATTCAT.....TTC 681  
1594 hrHisArgHisIleSerSerGluArgGlyLeuTyLeuGluGlyLeuTy 1610  
682 ATCGAGCGAGTCGGCGGAATTAACCGCTGTGGACCATCAAT..... 723  
1611 LeuGluAlaArgGlyMetGluThrGlyLeuLeuGluGlyLeuTy 1627  
724 ....TATCAAGACCTGATTCATTCGACGCTTGTTCGTA.....ACAG 763  
1627 rCysTySerGlyLeuValAlaLeuGlyLeuValAlaLeuProArgThrH 1644  
764 GCCGTCTG.....AATACGAGCGCGTG 786  
1644 isArgAlaLeuAlaGlyLeuTyProArgThrHisArgThrHisArgPro 1660  
787 GTTCCCTTGGCGCGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTCTTGGCTACCGT 836  
1661 ArgAlaSerAsnGlyLeuTyAlaSerAsnProArgValAlaLeuAlaSe 1677

837 TTGGGTGCGAAGGTCTCAACTTACCGCGCGCAATTTGGTTCACGCGG 886  
1677 rProGlyLeuCysTySerAlaSerProAlaSerProAlaSerProGlyL 1694  
887 ACAACCGGTGATTTCGGTTCCGTTATGAACGGTGGCGATTGCACAA... 933  
1694 euAsnAlaLeuAlaSerAsnCysTySerHisIleSerSerGluArg 1710  
934 GCGCGCATGATTATTTGGGACGCTACCAATCAGATTTCCGTTATCGA 983  
1711 GlyLeuTyThrHisArgGlyLeuTyAlaSerProAlaSerProProH 1727  
984 AGAAGCGCGCAGCAAGAG.....CTGTTCGGTGGTTCGCG 1021  
1727 sGluGlyLeuAsnLeuGluThrHisArgGlyLeuTyGlyLeuTyThrH 1744  
1022 CGCAGCGCGCAAAATATCTCCATCAGCGCGCACCACTCTCGGCCAT 1065  
1744 isArgThrHisArgValAlaLeuLeuGluAlaLeuAlaThrHis 1758  
seq\_name: /cgn2.6/ptodata/1/1aa/5A\_COMB.pep:US-07-745-206A-13  
seq\_documentation\_block:  
; Sequence 13, Application US/07745206A  
; Patent No. 5429921  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Harpold, Michael  
; APPLICANT: Ellis, Steven  
; APPLICANT: Williams, Mark  
; APPLICANT: McCue, Ann  
; APPLICANT: Feldman, Daniel  
; TITLE OF INVENTION: Human Calcium Channel Compositions and  
; TITLE OF INVENTION: Methods  
; NUMBER OF SEQUENCES: 32  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSEE: Fitch, Even, Tabin & Flannery  
; CITY: Chicago  
; STATE: Illinois  
; COUNTRY: U.S.A.  
; ZIP: 60603  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/07745,206A  
; FILING DATE: 19910815  
; CLASSIFICATION: 435  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Feder, Scott B  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 51504  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: 312-372-7842  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 13:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 1754 amino acids  
; TYPE: AMINO ACID  
; TOPOLOGY: linear  
; MOLECULE TYPE: protein  
US-07-745-206A-13

alignment\_scores:  
Quality: 105.50 Length: 466  
Ratio: 0.558 Gaps: 27  
Percent Similarity: 40.558 Percent Identity: 24.893  
alignment\_block:  
US-09-303-518D-131 x US-07-745-206A-13 ..

[illegible]

```

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/1aa/5B_COMB pep:US-08-311-363-13

seq_documentation_block:
; Sequence 13, Application US/08311363
; Patent No. 5876958
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Harpold, Michael
; APPLICANT: Ellis, Steven
; APPLICANT: Williams, Mark
; APPLICANT: Feldman, Daniel
; APPLICANT: Mccue, Ann
; APPLICANT: Brenner, Robert
; TITLE OF INVENTION: Human Calcium Channel Compositions and
; TITLE OF INVENTION: Methods
; NUMBER OF SEQUENCES: 32
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Brown, Martin, Haller & McClain
; STREET: 1660 Union Street
; CITY: San Diego
; STATE: California
; COUNTRY: USA
; ZIP: 92101-2926
; COMPUTER READABLE FORM: disk
; MEDIUM TYPE: Floppy
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/311,363
; FILING DATE:
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/745,206

```



```

; FILING DATE: 15-AUG-1991
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Seidman, Stephanie L.
; REGISTRATION NUMBER: 33,779
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 6362-51506
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (619)238-0999
; TELEFAX: (619)238-0062
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 13:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 1754 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-311-363-13

alignment_scores:
  Quality: 105.50      Length: 466
  Ratio: 0.558        Gaps: 27
  Percent Similarity: 40.558  Percent Identity: 24.893

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-311-363-13
Align seg 1/1 to: US-08-311-363-13 from: 1 to: 1754

38  CGGGCAGACGGAGCAAGTCAATTTATGACGGCCCGCCGATCCAGCAATC 87
|||||
887  ArgAlaAspArgSerHisSerLysGluAlaAlaGlyPro...ProGluAl 902
88  GCGTTGCTTGGGGAAGATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGAA.....131
|||||
902  aargThrSerAla.....AlaGluAlaGlnAlaProArg..AlaAlaGly 916
|||||
132  ...AATCAAGGAAGTGAAGCGCTCAAAAAGGCAAGTGTGTTGAAG 178
|||||
917  GlyThrThrGlyAlaAlaProArgArgArgProSerGly.....930
|||||
179  ACAAAAGAATCCGGCGTAGTATTACTGCGCGGCTTACGGCAAAATC 228
|||||
930  .....

229  GCCGTATTCACCGTGGCGAAAGCGCTACTTCAGTCAGTCGATGTC 278
|||||
931  .....SerProAspAlaThrAlaArgThrGly.....939
|||||
279  CGTTGAAGCAACGACGAAATCGAGTTCGAACGCTACGTACCTGAAGCGC 328
|||||
940  .....ThrArgileArgAla.....944
|||||
329  TGGCAAAATTGACGACGCAAAAGTGGCGCCGCAACCTGATTCATCAGGC 378
|||||
945  .....ArgSerAlaProAlaProArgAlaSerGlyA 955
|||||
379  TTATGGACTGCGCTTCGACCCGCTCGCTCAGCAAAATCCCTGCGTAGA 428
|||||
955  laArgGlyThrAlaAlaAlaPro.....GluArgGlyProGlyArgArg 969
|||||
429  TGGCGAGCGCTTCGCCATCTTCGTCATGCGATGGACACCAATCCGCTGG 478
|||||
970  ...ArgAlaGlyArgSerArgArg.....GlyGlyThrGlyProGly 982
|||||
479  CTGC.....CGACCTACGGTC 495
|||||
982  yThrArgArgSerLeuLeuThrArgLeuTrpArgArgProArgArgA 999
|||||
496  ATCATCAAGAACCGCCGAGACTTCAAAACGCGGCTGTGTTGTTAG 545
|||||
999  rgArgProArg...ArgArgArgLeuArgTrpLysProThr.....1011
|||||
546  CCGCCTGACCGAAGTAAATCCATGTGTAAAGACGACGCGCAGACG 595
|||||

```

```

1012 .....ArgLysAr 1014
596  TGGCGTCTGAAATGCTCCCAATATCGAAACACACATGAATTTGGCGGCCG 645
|||||
1014  gSerSerGlyThrThrSerProGlySerHisThrValThrTrpArgProV 1031
|||||
646  CATCCTGCGCGCTTGAGTGG...CACGCACATTCATTTTCATCGAGCCAGT 692
|||||
1031  alGly.....LeuLeuTrpValHisAlaHisThr.....1040
|||||
693  CGGCGGAATAAAACCGTGTGGACCAATATTAACAGACGTGATTGCTA 742
|||||
1041  .....AlaGlnGlnProValSerArgArg.....1048
|||||
743  TCGGACGTTTGTCTAACACAGCGCTCTGAATACCGAGCGCGTGGT...T 789
|||||
1049  .....TrpArgAsnSerGlnArgMetGlnThrIleSerGlyThrS 1062
|||||
790  GCCTTGGCGCGCTTGCACAAACACCGCGCTCTTGGCTACCGTTTT 839
|||||
1062  erLeuAlaTrpAlaValSerProGlnThrArgThrLeuLeuTrpIleSer 1078
|||||
840  GGTGTGCAAGGTGTCTCAACTTACCGCGCGCAATGGTTGACGCGGACA 889
|||||
1079  GlnCysArgAlaLeu.....LeuGlyLy 1086
|||||
890  ACCCGCTGA..TTTCCGGTTCGGTATTGAACGGTGGCATTCACCAAGCGC 938
|||||
1086  sProArgSerPheProValValThrTrpThrTrpLysAlaLysGlnArg 1103
|||||
939  GCATGATTATTGGAGCGCTACCACAAATCAGATTTCG...TTATCGAAG 985
|||||
1103  lyArgArgArgTrpLysArgMetThrGlyAlaAlaProGlyLeuSerSer 1119
|||||
986  .....AAGCGCGCAGCAAGAGCTGTCGCTGGTGGTGG 1020
|||||
1120  HisThrAlaProCysSerValAlaProThrCysSerAlaAla.....1134
|||||
1021  CCGCAGCGGACAAATACTCCA.....T 1043
|||||
1135  ....SerAlaThrThrSerProGlyThrSerArgTrpSerPheSerTrpS 1150
|||||
1044  CAGCGCACCATCTCTCGCCATTTCTTAAACAACTCTTCAAGTTCA 1093
|||||
1150  erSerProAlaAlaSerProTrpLeuLeuArgThrGlnCysAlaGlnThr 1166
|||||
1094  CGACGCGCTCAACGCGCGCGCCATGTCACCGATCGCAGCTTAT 1143
|||||
1167  ArgProGlyThrThrLeuAsnThr.....TrpIleThrPheSerLeuVa 1181
|||||
1144  GAGCGGTAATGCGTTGGACATCTCTGCTACCTGCTTTTGGCGGATTT 1193
|||||
1181  lSerLeuProLeuArgTrpArgSerThrTrpAspCys...CysPheThrL 1197
|||||
1194  AATCGTCCGGGATACCGACAGCGCGCGCTTTGGTGGTCT...TGGAA 1240
|||||
1197  euGluProIleSerGlyThrCysGlyThrPheTrpThrSerLeuTrpSer 1213
|||||
1241  TGGACGAAGAAGACCTCGCTTGTGCGAGCTCTGCTGCGCGG...GCAA 1287
|||||
1214  ValAlaProTrpTrpArgLeuLeuSerArgSerLysGlyLysAspIleAs 1230
|||||
1288  TAGCAATACGCGCGCTGTGGCAAGTGTGGAACCATTTAGA 1333
|||||
1230  nThrIleLysSerLeuArgValLeuArgValLeuArgProLeuLys 1245
|||||

```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/iaa/6A\_COMB.pep.us-08-997-897-2

seq\_documentation\_block:

; Sequence 2, Application US/08997897C

; Patent No. 6114514

; GENERAL INFORMATION:

; APPLICANT: SRIVASTAVA, RANJANA

```
; APPLICANT: KUMAR, DEEPAK
; APPLICANT: SRIVASTAVA, BRAHM SHANKER
; TITLE OF INVENTION: MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS SPECIFIC DNA FRAGMENT
; FILE REFERENCE: u011469-7
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/997,897C
; CURRENT FILING DATE: 1997-12-24
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 7
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 430
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Mycobacterium tuberculosis
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (4)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (6)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (20)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (29)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (64)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (69)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (89)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (99)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (114)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (119)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (129)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (159)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (169)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (182)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (185)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (219)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (259)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (269)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (291)
; FEATURE:
```

```
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (323)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (339)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (349)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (356)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (366)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (410)
; FEATURE:
; NAME/KEY: UNSURE
; LOCATION: (421)
; US-08-997-897-2
```

```
alignment_scores:
  Quality: 103.50      Length: 471
  Ratio: 0.566        Gaps: 27
  Percent Similarity: 38.854  Percent Identity: 23.779
```

```
alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-997-897-2 ..
```

```
Align seg 1/1 to: US-08-997-897-2 from: 1 to: 430

32 CCATCGCGGCGAGCGGAGCAAGTCATTATGACGGCCGCGCATACC 81
|||||: :||| :|||: :|||: :|||: :|||: :|||: :|||
5 Pro***SerCysArgArgSerLeuArgCysValArgGln***Pr 21
82 GAAGTCGCGTGTGCGGAAAGAAATGTCGGCATGCGCCCTCGATGAA 131
|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
21 oSerAlaArgCysLeuTirpGly***IleGlySer.....G 33
132 AATCAAGGAAGGTG.....AAGCGTCAAAA 157
:::|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
33 lyAspArgGluIleAspGlyGluSerGlyProGlyTyrArgProPro 49
158 AAGGCCAAGTGTGTTTGAAGACAAAAGAAATCCGGCGCTAGTATTACT 207
:::|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
50 ArgSerHisCys***SerArgProCysArgLysArg.ArgTyr***ArgC 66
208 GCGCGCGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTCACCG..... 242
|||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
66 ysArgAsp***ArgSerArgCysTirpCysHisProGlyTyrSerCysArg 82
243 ...TGGGAAAAGCGGTACTTTCAGTCAGTCGATGTCGCGTTGAAGCA 289
|||||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
83 TyrTirpCysHisProArg***SerCysArgCysTirpCysTyrArgArg** 99
290 ACGACGAATCGAGTTTCGAACGCTACCTGAAAGCGCTGGCAAAATG 339
|||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
99 *SerArgArg..... 102
340 AGCAGCGAAAAGTGCAGCCCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGACTGC 389
103 .....Cys 103
390 GCTTCGCACCGCTCGGTTACAGAAAATCCCTGCGGTAGATGCCAGCCGT 439
:::|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
104 CysSerCysProCysCys...ArgSerProCys***SerArgArg..... 117
440 TCGCATCTTCGTCATCGATGCGATGACACCAATCCGCTGGTGCCTGCGCA 485
|||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
118 .Arg***GlyCysProCysCysSerCysGlnHis***GlyCysArgTyrC 134
|||:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|:|
```

```
486 .....CCTACGGTTCATCAACAAGACGGC..... 512
134 ySArgTyrProGlySerArgTyrProSerArgCysProSerLeuArg 150
513 .....CGAAGACTT.....CAAACGGCCCTGTTGGTATTGAGCCGC 550
151 CysArgArgPheArgCysProArg**ArgCysGlnArgTyrTrpCysPr 167
551 TGACCGAACGCTAAAT.....CCATGTGTAAACGACGAG..... 587
167 oAsn**ThrGlyArgCysArgCysProSerSerArg**glnT.184
588 .....CCGACAGTGGCGTCTGAAAATGCTGCCAA 617
184 yr**SerProAlaGlyCysArgArgThrAlaArgCysArgCysCys.200
618 TATCGAAACACATGATTTGGGGCCCGCATCTCTGCCGCTTGAG...TG 664
201 CysArg.....CysTrpArgThrArgCysCysCysArgCysTr 214
665 GCACGCACATTCATTTTCATCGACCGAGTCGGCGCGAATAAAACCGTGTGG 714
214 pGlnSerLeuGly***SerArgProArgSerArg..... 225
715 ACCATCAATATCAAGACGTGATTGCTATCGACGTTGTTGCTAACAGG 764
226 .....SerArgArg...CysSerArgArgPheGlnAsnArg 237
765 CGGTCTGAATACCGACGCGGTGGT.....TGCTTGGCGGCC 802
238 CysCys.....ArgSerArgGlyPheArgIleArgCysCysSerPhePr 252
803 TCAGAGTCAACAACCGCGCCTTGGTACCGTGGTGGTTCGTAAGGTG 852
252 oGlyPheArgAsnArgHis**IleLeuArgCysPheHisCysArgTyr* 269
853 TCCTCA.....ACTTACCGCGCGCAATTTGGTGTACGCGGA... 887
269 **SerCysArgArgCysArgCysArgCysPheGlyCysArgGlyCys 285
888 .....CAACCGCGTGTATTCCGG..... 905
286 ArgCysGlnGlyCys**SerHisArgArgPheArgCysArgGluCysCy 302
906 .....TTCGGTATTGAACGGTGC...GATTGCACAGCGCGCATGATTAT 948
302 sAsnCysArgCysTrpArgCysArgGluCysSerArgArgProGlyLeup 319
949 TTGGG.....ACGCTACCAACATCAGAT 971
319 roGlyArgAsp**ArgProValGlyHisArgLysIleProThrCysCys 335
972 TTCCGTTATCAAGACCGCGCAGCAAGAGCTGTTGGGTG..... 1013
336 PheArgCys**ArgSerProArgSerArgProAlaLeu**TrpProPr 352
1014 .GGTTGCGCGCGCAGCGGACAAATACCTCCATCAGCGCGCACCTCTCGG 1062
352 oGlySerCys**ThrAsnProIleArgCysCysProSer**SerArgp 369
1063 CATTTCTTAAACAACTCTTCAAGTTACAGACAGCGCTCAACGCGG 1112
369 roIleProAlaArgProArgLeu.....ProGlyArgSerTyrArg 382
1113 CGACCG.....CGCCATGTTACGATCGCGCATTTATGACGGCGTAATGC 1156
383 TrpProProThrLysSerGlyArgSerGlnAsnCysTrpHisArgSer 399
1157 CGTTGGACATCCTGCCTACCTGCTTTTGGCGGATTTAATCGTCGGGAT 1206
399 r.....GlySerArgThrArgT 405
1207 ACCGACAGCGC 1217
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/iaa/6A\_COMB.pep:US-08-783-774-2

seq\_documentation\_block:  
; Sequence 2, Application US/08783774  
; Patent No. 6054130  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Spaete, Richard  
; APPLICANT: Jackman, Winthrop  
; TITLE OF INVENTION: NON-SPLICING VARIANTS OF  
; TITLE OF INVENTION: GP350/220  
; NUMBER OF SEQUENCES: 19  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSEE: Pennie & Edmonds  
; STREET: 1155 Avenue of the Americas  
; CITY: New York  
; STATE: NY  
; COUNTRY: USA  
; ZIP: 10036/2711  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Diskette  
; COMPUTER: IBM Compatible  
; OPERATING SYSTEM: DOS  
; SOFTWARE: FastSeq Version 2.0  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/08/783,774  
; FILING DATE: 15-JAN-1997  
; CLASSIFICATION: 435  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Coruzzi, Laura A.  
; REGISTRATION NUMBER: 30,742  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 7682-037  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: 212-869-9090  
; TELEFAX: 212-869-8864  
; TELEX: 66141 PENNIE  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 907 amino acids  
; TYPE: amino acid  
; STRANDEDNESS:  
; TOPOLOGY: unknown  
; MOLECULE TYPE: protein  
; US-08-783-774-2

alignment\_scores:  
Quality: 103.50 Length: 507  
Ratio: 0.470 Gaps: 26  
Percent similarity: 43.393 Percent identity: 22.485

alignment\_block:  
US-09-303-518D-131/rev x US-08-783-774-2 ..  
Align seq 1/1 to: US-08-783-774-2 from: 1 to: 907  
1340 CCTTCCTCTCAATGCTTCCAGCACTTTCCGCAACAGCGGCGC..... 1296  
||||| :||||| :|||  
240 ProSerGlyGlyIleLeuThrSerProValAlaThrProIlePr 256  
1295 .....TATTCGTATTTCGCCGGCAGACAGCTGCACAAAGCA 1256  
256 oGlyThrGlyTyrAlaTyrSerLeuArgLeuThrProArgProValSerA 273  
1255 GGTCTTCTTCGTCCAATTC.....AAGCAA 1230  
|| :||| :|||  
273 rgPheLeuGlyAsnAsnSerIleLeuTyrValPheTyrSerGlyAsnGly 289  
1229 CCCAAAGCCTCGCGC..... 1215  
||||| :|||  
290 ProLysAlaSerGlyGlyAspTyrCysIleGlnSerAsnIleValPheSe 306

1214 .....CTGCGGTATCCGCCAGCATTAATAATCGCCAAAGAACAAGTAG 1172  
::: ::::: ::: :  
306 rAspGluiLeProAlaSerGlnAspMetProThrAsnThrThrAspIlePr 323  
11171 GCAGGATGTCACGGCATTACCGCTCATACAGTGCAGCTCGTGACCATG 1122  
::: ::::: ::: ||| |||||::: |||  
323 hrTyValGIyAspAsnAlaThrTySer...ValPrometValThrSer 338  
11121 .....GCGCGGTCCGCCCGCTTGACGCTGTCGTG..... 1092  
339 GluAspAlaAsnSerProAsnValThrValThrAlaPheTrpAlaTrpPr 355  
11091 ....AACTGAAGAGTTGTTTTTAGGAATAATGCCGAGACTGTCGCGCG 1046  
||| ::::: ||| |||||::: |  
355 oAsnAsnThrGluThrAspPheLysCysLysTrpThrLeuThrSerGlyT 372  
11045 TGATGGAGTATTCTCCGGGTGC.....GGCGCAACCCAGCCG 1008  
:: |||||::: |||||  
372 hrPro.....SerGlyCysGluAsnLieserGlyAlaPheAlaSer 385  
11007 AACAGCTCTTTGCTGCGCGCCTCTTCGATACACGGAATATCGATTGGTA 958  
||| ||| ::::: |||  
386 Asn.....ArgThrPheAspIlethr..... 392  
957 GCGTCCCNAATANTCAGCGGCCCTTGTCGAATCGCACCGCTTCNATACCG 908  
||||: |||||::: |  
399 laProLysThrLeuIleIleThrArgThrAla..... 409  
866 GCGGTAACTTGAGACACTTCGCCCCAACCGTAACGGTAGCAGAGGCCGCG 817  
||| ||| ::::: |||  
410 .....ThrAsnAlaThrThrThrHisLys..... 418  
816 TTTGTTGACTTGCAGGCGCCCAAGGCAACACCGCTCGGTATTCAGAC 767  
||||: |||||::: |  
419 ..ValIlePheSerLysAlaProGluSerThrThrThrSer..... 431  
766 GGCTGTGTACGAACAACGTCGATAGCAATCAGCTCTGTGATAATTGATG 717  
|||::: ||| |||||::: |  
432 ..ProThrLeuAsnThrThrGlyPheAlaAspProAsn..... 443  
716 GTCCACAGGTTTATTTCGCCGCGACTCGCTCGATGAATGAATGTCGTG 667  
::: |||||::: |  
444 .....ThrThrThrGlyLeuProSerSerThrHisVa 454  
666 GCCACTCAAG.....CCGCGAGGATGCGGCCGCCAAATTCATGTG 626  
|||::: |||||::: |  
454 lProThrAsnLeuThrAlaProAlaSerThrGlyProThrValSerThrA 471  
625 TTTCGATATTGCCACGATTTTCAGACGCGAGCTGCGCCCTGCTGCITTA 576  
: : : : : |||||::: |  
471 laAspValThrSerProThrProAlaGlyThrThrSerGlyAlaSerPro 487  
575 CACACA.....TGG..... 567  
||| |||  
488 ValThrProSerProSerProTrpAspAsnGlyThrGluSerLysAlaPr 504  
566 ...ATTTTACGTTCGGTCAGCGGCTCAATACCAACAGGCCGCGTTTGA 521  
::: ||||: ::::: ||| |||||::: |  
504 oAspMetThrSerSerSerProValThrThrProThrProAsnAlaTr 521  
520 AGTCCTCGCGCTCTTTTGATGATGACCGTAGGCTGCGCGCCAGCGGA 471  
||| ::: ::::: ||| |||||::: |  
521 hrSerProThrProAlaValThrThrProThrProAsnAlaThrSerPro 537  
470 TTGGTCTGCATTCGACGAGATGGCGAACCGCTCGGCATCTACGCG 421  
ThrProAlaValThr...ThrProThrProAsnAlaThrSerProThrLe 553



```

; Patent No. 5667986
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Sleep, Darrell
; APPLICANT: Goodey, Andrew R
; APPLICANT: Vakaria, Diana
; TITLE OF INVENTION: Yeast Promoter
; NUMBER OF SEQUENCES: 17
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSER: The BOC Group, Inc.
; STREET: 100 Mountain Avenue, Murray Hill
; CITY: New Providence
; STATE: New Jersey
; COUNTRY: USA
; ZIP: 07974
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/270,076A
; FILING DATE: 01-JUL-1994
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: GB 8923521.2
; FILING DATE: 18-OCT-1989
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/597,687
; FILING DATE: 16-OCT-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/925,286
; FILING DATE: 04-AUG-1992
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Swope, R. Hain
; REGISTRATION NUMBER: 24864
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 92H834-3
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 908/771-6292
; TELEFAX: 908/771-6159
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 11:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 806 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-270-076A-11

alignment_scores:
  Quality: 101.00      Length: 404
  Ratio: 0.571        Gaps: 17
  Percent Similarity: 43.812  Percent Identity: 22.030

alignment_block:
  US-09-303-518d-131/rev x US-08-270-076A-11  ..

  Align seg 1/1 to: US-08-270-076A-11 from: 1 to: 806

1322 TCCAGCACTTTCGCAACAGCGCGGATTCGTATTTGCCCGGCGAGAC 1273
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
33 SerSerAsnIleThrSerSerGlyProSerSer.....Th 44

1272 GAAGCTGCACAAAGCGAGTCTTCT.....T 1247
|:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
44 rProPheSerSerAlaThrGluSerPheSerThrGlyThrValThrP 61

1246 CTCCAAATTCGAAGCAACCC....AAGCGCTGGCGGCTGTCGGTATCGCG 1200
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
61 roSerSerSerLysrProGlySerLysThrGluThrSerValSer 77

1199 AGGATTAATTCGCAAAAGCAAGAGTAGGAGGTATTCACCGGATTAC 1150
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
78 ThrThrGluThrThrIleValProThrThrThrThrSerValIleTh 94

```

```

1149 GGGCTCATAGTGGCGGATCGGTACCATCGCGCGGTGCGCGCGGTGACGG 1100
|:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
94 rProSerThrThrIleThrThrValValCysSerThrGlyThrAsnS 111
1099 CTGTCGTGAACCTTGAAGAGTTTGTGTTTTTAGGAAATGGCCGAGAGTGGT 1050
:::|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
111 er..... 111

1049 GCGGTGATGGAGTATTTGTCGGGTGCGGCGCAACCCAGCCGACAGCTC 1000
:::|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
112 ...AlaGlyGluThrThrSerGlyCysSer..... 120

999 TTTGCTGCGGCTCTCTCGATAACGAAATCTGATTGTGTAGGTAGGTCCCA 950
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
121 .....ProLysThrIleThr..... 125

949 AATAATCATGGCGCGCTTGTGCAATCGCACCGGTTCATATACGAACCGGAA 900
:::|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
126 .....ThrThrValProCysSerThrSerProSerGluThrAlaSerGlu 140

899 ATCAGCGGTTGTCGCGCTCAACCAATTCGCGCGGTAAGTTGAGACAC 850
|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
141 SerThr.....ThrThrSerProThrThrProValThrTh 152

849 CTTTCGACCCCAAAACGGTA.....CGCAAGA 824
|:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
152 rValValAlaThrThrValValThrThrGluThrSerThrSerThrLysG 169

823 GCGCGGTTTGTGACTTGCAGCGCGCCCAAGGCAACCGCGCTCGGTA 774
:::|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
169 InGlyGlyGluIleThr.....ThrThrPheValThr 179

773 TTCAGAGCGCTGTAGCAACAAACGTCGATAGCAATCAGCTCTTGATA 724
:::|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
180 LysAsnSerProThrThrThrLeuThrThrIleAlaProThrSer..... 194

723 ATTGATGTCCACACGGTTTTTA...TTCGCGCGGACTGGCTCGATGAAAT 677
|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
195 ....SerValThrThrValThrAsnPheThrProThrThrIleThrThr 210

676 GAATGTGC.....GTGCCACTCAAGCGCGGAGATGC 645
:::|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
210 hrValCysSerThrGlyThrAsnSerAlaGlyGluThrThrSerGlyCys 226

644 GGGCGCCAAATTCATGTGTTTCGATATTTGGCAGCATTTTTCAGACGGC... 597
:::|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
227 SerProLysThrValThrThrValLeuCysSerThrGlyThrGlyG 243

596 .....ACGTCGCGCTGCTCTTTACACACATGGATTTCAGTTCGG 554
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
243 uTyrThrThrGluAlaThrAlaProValThrThrAlaValThrThrTh 260

553 TCAGGCGGCTCAATACCAACAGCGCGCTTGAAGTCTTCGGCGGCTTCT 504
|||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
260 al..... 260

503 TTCATGATGACCTAGGTGCGCGAGCGGATTCGTGTCATCCCATTC 454
:::|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
261 ...ValThrThrGluSerThrGlyThrAsnSerValGlyLysThrTh 276

453 GAGCAAGATGCGCAAGCGCTCGGCATCTACGGCAGGATTTTCTGCTGAAGC 404
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
276 rThrSerThrThrLysSerValProThrThrThrValPheAspPheG 293

403 GAGGCTGCGAAGCGAGTCCATTAAGCTGATTAATCAGGTTGCGGCGC 354
|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
293 lLys.....Gly.IleLeuAspGlnSerCysGlyG 303

353 ACTTTTTCGCTGCTCAATTTTGCAGCGCTTCAGTACGTAGCGTT.... 308
:::|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:|||||:
303 yValPheSerAsnAsnGlySerSerGlnValGlnLeuArgaspValVal 320

```



```
312 SerValMetGlyIleAlaAspGlyAlaValHisAsnThrGluGlu1 328
786 GGTGGTGGTGGGGCTGCAAGTCAACAAACGCGCCCTCTTGGCTACCG 835
:|||||:
328 eValAla.....GlnSerIleAlaLeuSerSerL 338
836 TTTGGTGGGAGGTGCTCAACTTACCGCCCGGCAATGGTTGACGG 885
:|||||:
338 euMetValAlaGlnAlaIleProLeu...ValGlyGluLeuValAsp... 352
886 GACAACCGCGTATTCCGGTTCGGTATTGAACGGTGGCATTCACAAGG 935
353 .....IleGlyPheAl 356
936 CGCGCATGATTATTGGGACGCTACCACAATCAGATTTCGGTTATCGAAG 985
:|||||:
356 aAlaTyrAsnPheValGluSerIleLeuAsnLeuPheGlnValValHisA 373
986 AAGCCCGCACCAAGAGCTGTCGGTGGTGGTGGCGG..... 1023
373 snSerTyrAsnArgProAlaTyr.....SerProGlyHisLysThr 386
1024 CAGCGG.....GACAATATCTCATCAGCGCACCACTCTC..... 1059
:|||||:
387 GlnProPheLeuHisAspGlyTyrAlaValSerTrpAsnThrValGluAs 403
1060 .....GCCATTCTCTAAAAA 1075
403 pSerIleIleArgThrGlyPheGlnGlyGluSerGlyHisAspIleLys. 419
1076 ACAAACTCTCAAGTTCCAGTTCACGACAGCCGCTCAACGCGCGCGCCATG 1125
420 .....IleThrAlaGluAsn.....ThrPro 426
1126 GTACCGATGCGCATTTAGAGCGCGTAATGCCGTGGACATCTCGCTAC 1175
:|||||:
427 LeuProIleAlaGlyVal.....LeuLeuProth 436
1176 CTTG 1179
436 rIle 437
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/6B_COMB.pep:US-09-171-969-9
seq_documentation_block:
; Sequence 9, Application US/09171969
; Patent No. 6284533
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Lawrence J.
; TITLE OF INVENTION: PLASMID-BASED VACCINE FOR TREATING ATHEROSCLEROSIS
; NUMBER OF SEQUENCES: 10
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Banner & Witcoff, Ltd.
; STREET: 75 State Street, Suite 2300
; CITY: Boston
; STATE: Massachusetts
; COUNTRY: USA
; ZIP: 02109-1807
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: WordPerfect 6.1
; CURRENT APPLICATION DATA:
; FILING DATE: 01 May 1997 (01.05.97)
; CLASSIFICATION: 514
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 08/640,713
; FILING DATE: 01 May 1996 (01.05.96)
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 08/802,967
; FILING DATE: 21 February 1997 (21.02.97)

; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Leon R. Yankwich
; REGISTRATION NUMBER: 30,237
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: TCS 414.1 PCT (05872)
; INFORMATION FOR SEQ ID NO:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 535 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; HYPOTHEetical:
; ANTI-SENSE:
; FEATURE: (A)NAME:
; LOCATION:
; US-09-171-969-9

alignment_scores:
Quality: 98.50 Length: 468
Ratio: 0.495 Gaps: 27
Percent Similarity: 42.521 Percent Identity: 20.299

alignment_block:
US-09-303-518d-131 x US-09-171-969-9 ..
Align seg 1/1 to: US-09-171-969-9 from: 1 to: 535

31 CCCATCGCGGCGAGACCGCAAGTCATT...TATGACGGCGCGCCCAT 77
|||||:
72 ProLeuSerGlyLysAlaGlyValValLysValThrTyrProGlyLe 88
78 TACCGAAGTCGCGTTCGTTGGCGGAAGAATATGTCGGCATGCGCCCTCGA 127
|||||:
88 thrLysValLeu.....AlaL 94
128 TGAATCAAGGAAGTGAAGCGGTCAAAAAGGCAAGTCTGCTTTGAA 177
:|||||:
94 eulysValAspAsnAlaGluThrIle..... 102
178 GACAAAAGAATCCGGCGCTAGTATTACTGCGCGGCTTACGGCAAAAT 227
|||||:
103 ...LysLysGluLeuGlyLeuSerLeuThrGluProLeuMetGluGlnVa 118
228 CGCGCGT.....ATTACCGCT.....GGCGAAAAGCGCGTAC 259
:|||||:
118 lGlyThrGluGluPheIleLysArgPheGlyAspGlyAlaSerArgVal 135
260 TTCAGTCAGTCGTTGATTGCGGTGAAGCAACGAC..... 294
:|||||:
135 alLeuSerLeuProPheAla...GluGlySerSerSerValGluTyrIle 150
295 .....GAAATCGAGTT 305
|||||:
151 AsnAsnTrpGluGlnAlaLysAlaLeuSerValGluLeuGluLeuAsnPh 167
306 CGAA.....CGTAGTACCTG 322
|||||:
167 eGluThrArgGlyLysArgGlyGlnAspAlaMetTyrGluTyrMetAlaG 184
323 AAGCGCTGGCAAAATTGAGCAGCGAAAAAGTCGCGCAACCTGATTCAA 372
|||||:
184 lAlaCysAla.....GlyAsnArgValArgSer...ValGly 196
373 TCAGGCTTA.....TGAGTCGCGTTCGCGACCGCTCC 404
|||||:
197 SerSerLeuSerCysIleAsnLeuAspTrpAspValIleArgAspLysTh 213
405 GTTCAGCAAAATCCCTCCGCTAGATCCGAGCGGTTCCGGCATCTTCGTC 454
:|||||:
213 rLysThrLysIleGluSerLeu.....LysGluHisGlyProIleLysA 228
455 ATGGGATGGACACCAATCCGCTGGCTGCCGCCCTACGGTCATCATCAAA 504
||| |||||: |||
```





```
914 .....AATACCGAACCGGAATACACCGGTTGTCCCGGTCAACCAATTGC 870
      |||||
438 lnProLeuThrGlnValGlyIleThrLeuLeuProGlnAlaAlaProAla 454
      |||||
869 .....CCGGCGGTAAAGTTGAGACAC 850
      |||||
455 ProProThrThrThrThrIleGlnValLeuProThrValProGlySerSe 471
      |||||
849 CTTTCGACCAACAAACGTCAGCGAGGCGCGGT.....TTGTTGA 809
      |||||
471 rleSerValProThrAlaAlaAlaAlaAlaAlaAlaAlaAlaAlaValLeuL 488
      |||||
808 CTTTCGACCGCGCCAGGCAACACCGGCTCG.....GTATTCAGACGG 765
      |||||
488 ysValThrGlyProGlnAlaThrThrGlyThrProLeuValThrMetArg 504
      |||||
764 CTTGTTACG.....ACAAACGTCGATAGCAATCACGTCCTTGATAATT 721
      |||||
505 ProAlaSerGlnAlaGlyLysAlaProValThrValThrSer.....Le 519
      |||||
720 GATGTCACACACGGTTTTATTTCGGCGGACTGCTCGATGAATGAATGT 671
      |||||
519 uProAlaGlyValArgMetValValProThrGlnSerAlaGlnGlyThrv 536
      |||||
670 GCGTGCACCTCAAGCGCGAGGATGCGG..... 642
      |||||
536 alIleGlySerSerProGlnMetSerGlyMetAlaAlaLeuAlaAlaAla 552
      |||||
641 .....CCGCCAATTCATGTTTCGATATGGC 613
      |||||
553 AlaAlaAlaThrGlnLysIleProProSerSerAlaProThrValLeuSe 569
      |||||
612 A.....GCATTTTCACAGCGCA 596
      |||||
569 rValProAlaGlyThrThrIleValLysThrMetAlaValThrProGlyT 586
      |||||
595 CTTCTGCGCGCTGCTTTACACACATGATGTTTACGTCGTCAGCGCG 546
      |||||
586 hrThrThrLeuProAlaThrValLysValAlaAlaSerProValMetVal 602
      |||||
545 CTCATATACCAACAGCGCGTTTGAAGTCTTCGGCGGCTCTTTGATGAT 496
      |||||
603 SerAsnProAlaThrArgMetLeuLysThrAlaAlaAlaGlnValGlyTh 619
      |||||
495 GACCGTAGGTCGCGACCC..... 477
      |||||
619 rSerValSerSerAlaThrAsnThrSerThrArgProIleThrValH 636
      |||||
476 .....AGCGGATTGGTGTCCATCGCA.....TTGACGAAG 447
      |||||
636 isLysSerGlyThrValThrValAlaGlnGlnAlaGlnValValThrThr 652
      |||||
446 ATGGCGAAGCGCTCGGCATCTACG..... 423
      |||||
653 ValValGlyValValThrLysThrIleThrLeuValLysSerProIleSe 669
      |||||
422 .....GCAGGATTTGCTGAAC...GGACGGGTGCGAAGCG 389
      |||||
669 rValProGlyLysThrAlaLeuIleSerAsnLeuGlyLysValMetSerV 686
      |||||
388 CAGTCAT...AAGCCTGATTGAATCAGGTTGCGCGCACATTTTTCGCTG 342
      |||||
686 alValGlnThrLysPro.....ValGlnThrSerAlaVal 697
      |||||
341 CTCATTTTTCGACGGCT..... 324
      |||||
698 ThrGlyGlnAlaSerThrGlyProValThrGlnIleIleGlnThrLysGl 714
      |||||
323 .....TCAGGTACGTAGCGTTCG.....AATCTGATTTTCGTCGT 290
      |||||
714 yProLeuProAlaGlyThrIleLeuLysLeuValThrSerAlaAspGlyL 731
      |||||
289 TGCCTTCAACGGCAATACGACTGACTGAATACGCGCTTTTCGCCACGG 240
```

```
731 ysProThrThrIleIleThrThr..... 738
      |||||
239 TGAATAGCGCGGATTTCCTGAAGCGCGCCAGTAAATACTACGCCCGG 190
      |||||
739 .....ThrGlnAlaSerGlyAlaGlyThrLysPro.. 748
      |||||
189 ATTCTTTTGTCTTCAAAACAGCACTTGCGCTTTTGTGACGGCTTCACCTT 140
      |||||
749 .ThrIleLeuGlyIleSerSerValSerProSerThrThrLysProGlyT 765
      |||||
139 CTTGATTTTCATCGAGGCGCATGCGGACATATTTCTTCCCAAGCAAC 90
      |||||
765 hrThrThrIleIleLys.....ThrIleProMetSer 775
      |||||
89 GCGACTTCGGTAATGCGCGCGCTCATATAATGACTTGCTGCC 48
      |||||
776 AlaIleIleThrGlnAlaGlyAlaThrGlyValThrSerSer 789
      |||||
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB.pep:US-08-393-703-5

seq_documentation_block:
; Sequence 5, Application US/08393703
; Patent No. 585239
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Lamarco, Kelly
; APPLICANT: Wilson, Angus
; APPLICANT: Herr, Winship
; TITLE OF INVENTION: A NOVEL EKARYOTIC TRANSCRIPTION PROTEIN:
; TITLE OF INVENTION: HOST CELL FACTOR
; NUMBER OF SEQUENCES: 15
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: FLEHR, HOHBACH, TEST, ALBRITTON & HERBERT
; STREET: 4 Embarcadero Center, Suite 3400
; CITY: San Francisco
; STATE: CA
; COUNTRY: USA
; ZIP: 94111-4187
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/393,703
; FILING DATE: 24-FEB-1995
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Osman, Richard A
; REGISTRATION NUMBER: 36,627
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: A-57503-2/RAO
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 781-1989
; TELEFAX: (415) 398-3249
; TELEX: 910 277299
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 2035 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: peptide
; US-08-393-703-5

alignment_scores:
      Quality: 98.00      Length: 464
      Ratio: 0.469      Gaps: 24
      Percent Similarity: 45.043      Percent Identity: 22.198

alignment_block:
US-09-303-518D-131/rev x US-08-393-703-5
```



```

; TELEPHONE: (415) 781-1989
; TELEFAX: (415) 398-3249
; TELEX: 910 277299
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 5:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 2035 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: peptide
; PCT-US93-11721-5

alignment_scores:
  Quality: 98.00      Length: 464
  Ratio: 0.469        Gaps: 24
  Percent Similarity: 45.043  Percent Identity: 22.198

alignment_block:
US-09-303-518D-131/rev x PCT-US93-11721-5
Align seg 1/1 to: PCT-US93-11721-5 from: 1 to: 2035

1118 CGTTCGCGCGGTGACGGCTGTC.....GTGAACCTGAAGAG 1081
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
363 LysProProProProAlaArgValGlnLeuValArgAlaAsnThrAsnSe 379
1080 TTTGTTTATAGAAATAGCGGAGAGTGGTGGCGGTGATCGAGTATTG. 1032
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
379 rLeuGluVal....SerTrpGlyAlaValAlaThrAlaAspSerTyrLeuL 395
1031 .....TCCGGCTCGCGGCAACCCAG 1011
395 euGlnLeuGlnLysTyrAspIleProAlaThrAlaAlaThrAlaThrSer 411
1010 CCGAACAGCTCTTTGCTCGCGCTCTTCGATACGGAATCTGATTGTG 961
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
412 ProThr.....ProAsnProValProSerValProAla.. 422
960 GTAGGTCCTCCAAATATCATCGCGCTGTGCAATCGCACCGTTC.... 915
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
423 ....AsnProProLysSerProAlaProAlaAlaAlaAlaProAla 438
914 .....AATACCGAAGCGGAAATCATCGGGTGTCTCGGTCACCAATTCG 870
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
438 lnProLeuThrGlnValGlyIleThrLeuLeuProGlnAlaAlaProAla 454
869 .....CCGGCGGTAAAGTTGAGACAC 850
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
455 ProProThrThrThrThrIleGlnValLeuProThrValProGlySerSe 471
849 CTTTCGACCCAAACGGTACGACGAGCGCGGT.....TTGTTGA 809
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
471 rIleSerValProThrAlaAlaArgThrGlnGlyValProAlaValLeuL 488
808 CTTGACGCGCGCCCAAGCAACACCGCGCTCG.....GTATTGACAGCG 765
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
488 ysValThrGlyProGlnAlaThrThrGlyThrProLeuValThrMetArg 504
764 CTTGTTAGC.....AACAAAGCTCCGATAGCAATCAGTCTTGATAATT 721
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
505 ProAlaSerGlnAlaGlyLysAlaProValThrValThrSer.....Le 519
720 GATGTCACACAGGTTTATTTCGCGCGGACTGGCTCGATGAATGAATGT 671
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
519 uProAlaGlyValArgMetValValProThrGlnSerAlaGlnGlyThrV 536
670 GCGTCCACTAAGCGCGGAGATCGGG.....                    642
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
536 alIleGlySerSerProGlnMetSerGlyMetAlaLeuAlaAlaAla 552
641 .....CCGCCAAATTCATGTGTTTCGATATGGC 613
    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/laa/5B_COMB.pep:US-08-467-822-21
seq_documentation_block:
; Sequence 21, Application US/08467822
; Patent No. 5843460
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Labigne, Agnes
; APPLICANT: Sauerbaum, Sebastien
; APPLICANT: Ferrero, Richard L.
; APPLICANT: Thiberge, Jean-Michel
; TITLE OF INVENTION: IMMUNOGENIC COMPOSITIONS AGAINST

```



```

:
: NUMBER OF SEQUENCES: 44
: CORRESPONDENCE ADDRESS:
: ADDRESSEE: Finnegan, Henderson, Farabow, Garrett &
: ADDRESSEE: Dunner
: STREET: 1300 I Street, N.W.
: CITY: Washington
: STATE: D.C.
: COUNTRY: USA
: ZIP: 20005-3315
:
: COMPUTER READABLE FORM:
: MEDIUM TYPE: Floppy disk
: COMPUTER: IBM PC compatible
: OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
: SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
:
: CURRENT APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: US/08/432,697
: FILING DATE: 02-MAY-1995
: CLASSIFICATION: 424
:
: ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
: NAME: Meyers, Kenneth J.
: REGISTRATION NUMBER: 25,146
: REFERENCE/DOCKET NUMBER: 03495.0137-00000
:
: TELECOMMUNICATION INFORMATION:
: TELEPHONE: (202) 408-4000
: TELEFAX: (202) 408-4400
:
: INFORMATION FOR SEQ ID NO: 21:
: SEQUENCE CHARACTERISTICS:
: LENGTH: 569 amino acids
: TYPE: amino acid
: STRANDEDNESS: single
: TOPOLOGY: linear
: MOLECULE TYPE: peptide
: FEATURE:
: NAME/KEY: Protein
: LOCATION: 1..569
:
: OTHER INFORMATION: /note= "URE B - FIGURE 3."
:
: US-08-432-697-21
:
: alignment_scores:
: Quality: 97.50 Length: 290
: Ratio: 0.894 Gaps: 11
: Percent Similarity: 37.586 Percent Identity: 21.034
:
: alignment_block:
: US-09-303-518D-131 x US-08-432-697-21 ..
:
: Align seg 1/1 to: US-08-432-697-21 from: 1 to: 569
:
: 472 CCGCTGGCTGCCGACCTAGCGTCATCATCAAGAAGCGCGGAAGACTT 521
: ||| :|||:|||||: :||| :|||:
: 297 ProAlaSerThrAsnProThrIleProPheThrLysAsnThrGluAlaG1 313
:
: 522 CAACGGCGGCTGTGTGGTATTGAGCGCGCTGACCGNACGTAAATCCCATG 571
: :|||:|||||: :|||:
: 313 uHisMetAspMetLeuMetValCysHis.....HisL 324
:
: 572 TGTGTAAGACGAGCGCGCAGACGTG..... 597
: :|||:|||||
: 324 euAspLysSerIleLysGluAspValGlnPheAlaAspSerArgIleArg 340
:
: 598 CCGTCTGAAATGCTGCCAATATCGAACAACACATGAATTTGGCGGCCCGCA 647
: |||:|:|||||: :|||:|||||
: 341 ProGlnThrIleAlaAlaGluAspGlnLeuHisAspMetGly..... 354
:
: 648 TCCTGCGGCTTGAGTGGCAGCAGACATTCATTTTCATCGAGCCAGTCGGCG 697
:
: 354 ..... 354
:
: 698 CGAATAAACCGTGTGGACCATCAATATCAAGACGCTGATTGCTATCGGA 747
: :|||:|||||: :|||:
: 355 .....IlePheSerIleThrSerSerAspSerGlnAlaMetGly 367

```



alignment\_block:

US-09-303-518d-131 x US-09-096-399-2

Align seg 1/1 to: US-09-096-399-2 from: 1 to: 553

```

1 ATGATTAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
79 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuProGlyAspProme 95
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
51 GCAAGTCATTATGACGGCGGCCCATTAACCGAAGTCGGTTGGCG 100
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
95 tleuLeuAlaTyR.....LeuLeuAsp. 102
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
101 AGAATATGTCGGCATCGCCCTCATGAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
103 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 112
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
151 GTCAAAAAGGCCAAGTCGTGTTGAAGACAAAAAGAAATCCGGCGTAGT 200
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
113 ArgArgTyR-GlyGluThrThrGluGlu..... 122
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
123 .....AlaGlyGluArgAlaLeu.....SerG 131
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
251 AGCGGTACTTCAGTCAGTCGTGATTGCCGTTGAAGCAACGACGAAATC 300
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
131 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 147
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
301 .....GAGTTGCAACGCTACCTGACCTGAAAGCGCTGGCAAA 335
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
148 LeuTrpLeuTyRArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAla 164
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
336 ATTGACGAGCAAAAGTGGCGGCCCAACCTGATTCATCAGGCTTATGGA 385
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
164 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyRLeuA 178
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
386 CTGGCTTCGACCCGCTGTCAGCAAAATCCCTGCGTAGATGCGGAG, 435
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
178 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 194
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
436 CCGTTCGCGCATCTTCGTCATGCGATGCGACACCAATCCGTGGTCCGA 485
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
195 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGln 211
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
486 CCCTACGTCATCATCAAGAGCGCGGAGACTTCAACGCGGCGCTGT 535
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
211 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 222
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
536 TGGTATTGAGCGCGCTGACCGAAGCTAAATCCATGTGTGTAAAGCACA 585
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
222 roAlaIleGlyLys...ThrGlyLys..... 229
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
586 GCGCGACGTCGCGCTGTGAATAATGTCGCCATATCAACACATGATT 635
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
230 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 243
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
636 TGGCGCGCGCATCTGCGCGCTTGTAGTGGCAGCACATTCATTCATCG 685
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
243 uArgGluAlaHisPro.....lleValG 251
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
686 AGCCAGTCGCGCGCAATAAACCGTGTGGACCATTAATTCAAGACGTG 735
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
251 luLysIle.....LeuGlnTyRArgGluLeu 259
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
736 ATTGCTATCGGACGTTTCTTCGTA..... 759
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
260 ThrLysLeuLysSerThrTyRileAspProLeuProAspLeuIleHisPr 276
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
760 ....ACAGCGCTCTGAATACC.....GAGCGCTGTGTGCTGGT 796
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
276 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 293

```

```

797 GCGCCTGCAAGTCAACAACACCGCGCTC.....TTGCGGTACC 834
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
293 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 309
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
835 GTTTGGTGGCGAAGGTCTCAACTTACCGCGCGGCGAA..... 873
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
310 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 326
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
874 .TTGGTTGACGCGACCAACCGGTGATTTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
326 uleuValAlaLeuAspTyRSerGlnIleGluLeuArgValleu..... 340
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
923 CGATTGCACAAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATCAGATT 972
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
341 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 350
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGGCTGGT 1016
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
351 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 367
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1017 TCGCGCGCGAGCGC 1029
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
367 tPheGlyValPro 371
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/iaa/5A\_COMB.pep:US-08-021-623C-6

seq\_documentation\_block:

```

: Sequence 6, Application US/08021623C
: Patent No. 5436149
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Barnes Ph.D., Wayne M.
: TITLE OF INVENTION: Thermostable DNA polymerase with
: TITLE OF INVENTION: enhanced thermostability and enhanced length and
: TITLE OF INVENTION: efficiency of primer extension
: NUMBER OF SEQUENCES: 17
: CORRESPONDENCE ADDRESS:
: ADDRESSEE: Senninger, Powers, Leavitt and Roedel
: STREET: One Metropolitan Square, 16th Floor
: CITY: St. Louis
: STATE: Missouri
: COUNTRY: USA
: ZIP: 63102
: COMPUTER READABLE FORM:
: MEDIUM TYPE: Floppy disk, 5.25", 360 kb.
: COMPUTER: IBM PC compatible
: OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
: SOFTWARE: PatentIn 1.0, v1.25; EDIX; Wordperfect.
: CURRENT APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: US/08/021,623C
: FILING DATE: 19-FEB-1993
: CLASSIFICATION: 435
: ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
: NAME: Blosser, G. Harley
: REGISTRATION NUMBER: 33,650
: REFERENCE/DOCKET NUMBER: WNB4900
: TELECOMMUNICATION INFORMATION:
: TELEPHONE: 314/231-5400
: TELEFAX: 314/231-4342
: TELEX: 6502697583 MCI
: INFORMATION FOR SEQ ID NO: 6:
: SEQUENCE CHARACTERISTICS:
: LENGTH: 554 amino acids
: TYPE: amino acid
: TOPOLOGY: linear
: MOLECULE TYPE: protein
: US-08-021-623C-6

```

alignment\_scores:

```

Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

```



## alignment\_block:

US-09-303-518D-131 x US-08-021-623C-6

Align seg 1/1 to: US-08-021-623C-6 from: 1 to: 554

```
1 ATGATTAAATCAAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
80 ValLeuAlaLeuArgGluGluLeuGluLeuProGlyAspProme 96
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
51 GCAAGTCATTATGACGGCCGCGCATACCGAAGTCGGCTGCTTGGCG 100
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
96 tleuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 103
101 AAGAATATCTCGCATCGCCCTCTGATGAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
104 .....ProSerAsnThrProGluGlyValAla 113
151 GTCAAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAAGACAAAAAGAAATCCGGCGTAGT 200
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
114 ArgArgTyrGlyGlyGluThrGluGlu..... 123
201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA' 250
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
124 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 132
251 ACGCGTACTTCAGTCAGTCGTGATTCGCTTGAAGGCAACGACGAAATC 300
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
132 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 148
301 .....GAGTTCGAAGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCGAAA 335
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
149 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 165
336 ATTGACGCGGAAAAAGTCGCGCAACCTGATTCATCAGCTTATGGA' 385
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
165 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 179
386 CTGCGCTTCGACCGCTCGGTTCAGCAAAATCCCTGCGGTAGATCGCGAG 435
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
179 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 195
436 CCGTTCGCGCATCTTCGTCATCGCATGGACCACTCGCTGGCTGCCGA 485
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
196 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlaLe 212
486 CCCTACGCTCATCATCAAGAACGCGCGAAGACTTCAAAACGCGCGCTGT 535
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
212 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeup 223
536 TGGTATTGAGCGGCTGACCGCAACGTAATCCATGTGTGTAAGCAGCA 585
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
223 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 230
586 GCGCGAGAGTCGCGCTCTGAAAATGCTGCCAATATCGAAACACATGAAT 635
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
231 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 244
636 TGCGCGCGCGCATCTCGCGCTTGAGTGGCACCACATTCATTTCATCG 685
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
244 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 252
686 AGCCAGTCGGCGGCAATAAAACCGTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
252 luLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu. 260
736 ATTCGTATCGGACGTTTTCGTA..... 759
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
261 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 277
760 ....ACAGGCGCTCTGAATACC.....GAGCGGTGTTCCCTGG 796
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
277 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 294
```

```
797 GCGGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCCTC.....TTGCTGACC 834
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
294 lyArgLeuSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 310
835 GTTTTGGTGGCAAGGTGCTCAACTTACCGCGCGGAA..... 873
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
311 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 327
874 .TTGTTGACGCGGCAACACCGCTGATTTCCTCGTTTCGCTATTGAACGGTG 922
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
327 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu. 341
923 CGATTGCACAGGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATTCAGATT 972
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
342 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 351
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCCGCTGGT 1016
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
352 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 368
1017 TGCGCCCGCAGCCG 1029
   ::::: :::::
368 tPheGlyValPro 372
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/iaa/6B\_COMB.pep:US-09-096-399-4

## seq\_documentation\_block:

```
; Sequence 4, Application US/09096399A
; Patent No. 6130045
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Wurst, Helmut
; APPLICANT: Qui, Zhi-Hao
; TITLE OF INVENTION: Thermostable Polymerase
; FILE REFERENCE: CLON-007
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/096,399A
; CURRENT FILING DATE: 1998-06-11
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 4
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 4
; LENGTH: 559
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: Recombinantly engineered mutant
US-09-096-399-4
```

## alignment\_scores:

Quality:	97.00	Length:	371
Ratio:	0.584	Gaps:	19
Percent Similarity:	44.744	Percent Identity:	22.102

## alignment\_block:

US-09-303-518D-131 x US-09-096-399-4

Align seg 1/1 to: US-09-096-399-4 from: 1 to: 559

```
1 ATGATTAAATCAAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
85 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuProGlyAspProme 101
51 GCAAGTCATTATGACGGCCGCGCATACCGAAGTCGGCTTGGCG 100
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
101 tleuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 108
101 AAGAATATCTCGCATCGCCCTCTGATGAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
109 .....ProSerAsnThrProGluGlyValAla 118
151 GTCAAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAAGACAAAAAGAAATCCGGCGTAGT 200
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
119 ArgArgTyrGlyGlyGluThrGluGlu..... 128
```

```

201 ATTACTGCGCGGCTTACGCAAAATCGCGCTATTACCGCTGGCGAA 250
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
129 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 137
251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGCTGATTGCGCTGCAAGGCAACGACGAAATC 300
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
137 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 153
301 .....GAGTCGACGCTACGTACCTACCTGGAAGCGCTGGCAAA 335
    |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
154 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 170
336 ATTGACGAGGAAAAGTGGCGCGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385
    |||||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||
170 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 184
386 CTGCGCTTCGACCCGCTGCTGCAAGAAATCCCTGCGTAGATGCGGAG 435
    |||||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||
184 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 200
436 CGGTGCGCATCTGCTCAATGCGATGGACCAATCCGCTGCTGCCGA 485
    |||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||
201 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 217
486 CCCTACGCTCATCATCAAGAACGCGCGAAGACTTCAAAACGCGGCTGT 535
    |||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||  :|||
217 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 228
536 TGTATTGACCGCGCTGACGCAACGTAATAATCCATGTGTCTAAAGCAGA 585
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
228 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 235
586 GGCCGACACGTCGCTGAAATGTCGCAATATCGAAACACATGAATT 635
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
236 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 249
636 TGGCGGCGCGCATCTGCGCGCTTGTAGTGGCAGCACATTCATTTCATCG 685
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
249 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 257
686 AGCCAGTCGCGCGCAATAAAACCGTGTGGACCATCAATTATCAAGCGTG 735
    ||  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
257 luLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu
736 ATTCGTATCGGACGCTTGTTCGTA..... 759
266 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 282
760 ...ACAGCGCGCTGTAATACC.....GAGCGCGTGGTGGCTTGG 796
    |||||  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
282 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 299
797 CGCGCTGCAAGTCAACAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
    |||||  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
299 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 315
835 GTTTTGGGTGGAAGGTCTCTCAACTTACCGCGCGGAA..... 873
    |||||  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
316 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 332
874 .TTGGTTGACGCGGACACCGCGTATTTCGGTTCGGTATTGACCGTG 922
    |||||  |||  |||  |||  |||  |||  |||  |||
332 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 346
923 CGATTGCAAGGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAACATCAGATT 972
347 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 356
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTTCGGCTGGGT 1016
    :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:  :|||:
357 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 373
1017 TCGCGCGGACGCG 1029
```

```

373 tPheGlyValPro 377
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5B_COMB.pep:US-08-484-956-87

seq_documentation_block:
; Sequence 87, Application US/08484956
; Patent No. 5843654
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: DAHLBERG, JAMES E.
; APPLICANT: LYAMICHEV, VICTOR I.
; APPLICANT: BROW, MARY ANN D.
; APPLICANT: OLDENBURG, MARY C.
; APPLICANT: HEISLER, LAURA
; TITLE OF INVENTION: DETECTION OF p53 MUTATIONS
; NUMBER OF SEQUENCES: 114
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: HAVERSTOCK, MEDLEN & CARROLL
; STREET: 220 MONTGOMERY STREET, SUITE 2200
; CITY: SAN FRANCISCO
; STATE: CALIFORNIA
; COUNTRY: UNITED STATES OF AMERICA
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/484,956
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/402,601
; FILING DATE: 09-MAR-1995
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/337,164
; FILING DATE: 09-NOV-1994
; APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/254,359
; FILING DATE: 06-JUN-1994
; APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/073,384
; FILING DATE: 04-JUN-1993
; APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/986,330
; FILING DATE: 07-DEC-1992
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: CARROLL, J. PETER G.
; REGISTRATION NUMBER: 32,837
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-01801
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 705-8410
; TELEFAX: (415) 397-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 87:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 695 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-484-956-87

alignment_scores:
Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-484-956-87 ..
Align seg 1/1 to: US-08-484-956-87 from: 1 to: 695
```

```
1 ATGATTAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGCCGA 50
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
359 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 375
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
51 GCAAGTCATTTATGACGCGCGCCGCAATACCGAAGTCGCTGGCG 100
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
375 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp.....382
101 AAGAATATCGCGCATCGCCCTCGATCAAAATCAAGGAAGGTGAAGC 150
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
383 .....ProSerAsnThrProGluGlyValAla 392
151 GTCAAAAAGCCAAAGTGTGTTGAAGCAAAAAGAAATCCGGCGTAGT 200
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
393 ArgArgTyrGlyGlyLeuTrpThrGlu.....402
201 ATTTACTGCGCGCTTCAGGCAAAATCGCCCTATTCACCGTGGCGAAA 250
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
403 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 411
251 AGCGGCTACTTCAGTCAGTCGAGTTCGCTTGAAGCAACGACGAAATC 300
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
411 LuArgLeuPheAlaLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 427
301 .....GAGTTCGAACGCTACCTGAGCGCTGGCAAA 335
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
428 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 444
336 ATTTAGCAGCAAAAAGTGTGCTGCGGCAACCTGATTCATCAGCTTATGA 385
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
444 smetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 458
386 CTGCGCTTCGACCGCTCGCTTCAGCAAAATCCCTGATGATGCGGAG 435
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
458 ArgAlaLeuSerLeuGluValAlaGlyGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 474
436 CCGTTCGCATCTTCGTCATGCGATGACACCAATCCATCGCTGGTGCGGA 485
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
475 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 491
486 CCCTACGCTCATCATCAAGAAGCGCGCGAAGACTTCAACGCGCGCTGT 535
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
491 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 502
536 TGGTATTGAGCGCGCTGACCGCAACGTAATCCATGTGTGTAAGCAGCA 585
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
502 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys.....509
586 GCGCAGACGTGCGCTCTGAAATGCTCCCAATATCGAACAACATGAAT 635
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
510 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 523
636 TGGCGCGCGCATCTGCGCGCTTGTAGTGGCAGCAGCATTCATTTCATCG 685
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
523 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 531
686 AGCAGTCGCGCGCAATAAACCCTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
531 LuLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 539
736 ATTGCTATCGGACGCTTGTTCGTA.....759
540 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuLeHisPr 556
760 ....ACAGCGCGTCTGAATACC.....GAGCGCGTGGTTCCTGG 796
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
556 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 573
797 GCGCGCTGCAAGTCAACAACCGCGCTC.....TTGCGGTACC 834
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
573 LyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 589
```

```
835 GTTTGGGTGCGAAGGTGTCTCAACTTACCGCGCGCGAA.....873
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
590 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 606
874 .TTGGTTGACGCGGACAAACCGGTGATTTCGGTTCGGTTCGATTGAACGGTG 922
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
606 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu.....620
923 CGATTGCACAAAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAACAATCAGATT 972
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
621 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 630
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGGCTGGGT 1016
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
631 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 647
1017 TGCGCCGCGACCG 1029
647 tPheGlyValPro 651

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5B_COMB.pep:US-08-757-653-87
seq_documentation_block:
; Sequence 87, Application US/08757653
; Patent No. 5843669
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Kaiser, Michael W.
; APPLICANT: Lyamichiev, Victor I.
; APPLICANT: Lyamichiev, Natasha
; TITLE OF INVENTION: Cleavage Of Nucleic Acid Using
; TITLE OF INVENTION: Thermostable FEN-1 Endonucleases
; NUMBER OF SEQUENCES: 190
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Medlen & Carroll, LLP
; STREET: 220 Montgomery Street, Suite 2200
; CITY: San Francisco
; STATE: California
; COUNTRY: United States Of America
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/757,653
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Ingolia, Diane E.
; REGISTRATION NUMBER: 40,027
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-02565
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 705-8410
; TELEFAX: (415) 397-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 87:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 695 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
US-08-757-653-87
```

```
alignment_scores:
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584       Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744  Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518d-131 x US-08-757-653-87
```

[illegible]

```
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/6B_COMB.pep:US-09-777-537-2
seq_documentation_block:
```

```

alignment_scores:
    Quality: 97.00      Length: 371
    Ratio:   0.584       Gaps:   19
    Percent Similarity: 44.744   Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-09-777-537-2 ..

Align seg 1/1 to: US-09-777-537-2 from: 1 to: 810

1 ATGATTAATAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCCATCGGGCAGACCGGA 50
::: ::::::::::::::::::::: :
358 ValLeuAlaLeuArgGlUGlyLeuGlyLeuProGlyAspAspProme 374
::: ::::::::::::::::::::: :

51 GCAGTCATTATGACGGCCCGGCATTACCGAAGTCGGTGGCTGGCG 100
::: |||
374 tLeuLeuAlaIatyr.....LeuLeuAsp.. 381

```

```

alignment_scores:
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584       Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744  Percent Identity: 22.102

alignment_block:
  US-09-303-518D-131 x US-09-777-537-2  ..
  Align seg 1/1 to: US-09-777-537-2 from: 1 to: 810

      1  ATGATTAAATCAAAAAGTCTAAATCTCCCATCGCGGACAGACCGGA 50
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      358  ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspAspProme 374
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      51  GCAAGTCATTATGACGGCCCGGCCATTACCGAAGTCGCGTCTGCTGGCG 300
          :::  |||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      374  tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuLeuAsp. 381
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      101  AAGAATATGTCGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
          |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||  |||||
      382  .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      151  GTCAAAAAGGCCAAGTGTGTTTGAAGACAAAAAAGATCCGGCGCTAGT 200
          :::  |||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      392  ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      201  ATTTCACGCGCGCTTCAGGCAGAAATCGCGCTATTCACGTGGCGGAAA 250
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      402  .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      251  AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGTGATTCGCGTTGAGGCGAACACACGAAATC 300
          ::|||:::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      410  luArgLeuPheAlaLeuLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      301  .....GAGTCGAAGCGCTACGTACCTGAAGCGCTCGCAAA 335
          |||  ||||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      427  LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      336  ATTGACACGGAAGAAGTCGCGCGCAACTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385
          :::::  :::::  ::|||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      443  sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      386  CTGCGCTTCGCACCGCTCGGTTTCAGCAAAATCCCTGCGCTAGATGCCGAG 435
          |||||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      457  rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 473
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      436  CGGTTTCGCATCTTCGTCAATCCGATGCACACCAATCCGCTGGCTGCCGA 485
          |||  :::  :::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      474  ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
          :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::
      486  CCCTACGCTCATCAAGAGCGCGCGAAGACTTCAACACGCGCCTGT 535
          |||:::  :::::  ::|||  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::  :::::

```

```

490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
536 TGTATTGAGCCGCTGACGCAAGTAAATCATGTGTAAAGCAGCA 585
501 rolaalleGlyLys...ThrGluLys..... 508
586 GGGCGACAGTCGCGTCTGAAATGTCGCAATATCGAAACACATGAATT 635
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
636 TGGCGGCGCCATCTCGCGGCTTGAGTGGCAGCACATTCATTTCATCG 685
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
686 AGCCAGTCGCGCGGAATAAACCCTGTGGACCATCAATATCAAGCGTG 735
530 lulylle.....LeuGlnTyArgGluLeu 538
736 ATTGCTATCGAGCTTTGTTTCGTA..... 759
539 ThrLysLeuLysSerThrTyIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
760 ....ACAGCGCGTGAATACC.....GAGCGCGTGGTTCCTTGG 796
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
797 GCGCGCTGCAAGTCAACAACCGGCCTC.....TTGCGTACC 834
572 lyArgLeuSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
835 GTTTTGTGCGGAAGGTGTCTCACTTACC CGCGCGCA..... 873
589 ProLeuGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 605
874 .TTGTTGACGCGGCAACCGCGTGATTCGGTTCGGTATTCGACGGTG 922
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
923 CGATTGCACAGCGCGCATGATTATTGGACGCTACCAATCAGATT 972
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGGCTGGT 1016
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
1017 TCGCGCGCAGCGG 1029
646 tPheGlyValPro 650
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/6B_COMB pep:us-09-777-538-2
seq_documentation_block:
; Sequence 2, Application US/09777538
; Patent No. 633159
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Kermekchiev, Milko B
; TITLE OF INVENTION: GOLD SENSITIVE MUTANT DNA POLYMERASES AND METHODS OF
; FILE REFERENCE: WSHU 2009.2
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/777,538
; PRIOR FILING DATE: 2001-02-06
; PRIOR FILING DATE: 09/587,856
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9
; SOFTWARE: Patentin ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 810
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Thermus aquaticus
US-09-777-538-2

```

```

alignment_scores:
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584      Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744      Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-09-777-538-2 ..
Align seg 1/1 to: US-09-777-538-2 from: 1 to: 810

1 ATGATTAATAAATCAAAAAAGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGACAGCCGA 50
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuProGlyLeuProGlyAspAspProme 374
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
51 GCAAGTCATTTATGACGCCCGCGGCATACCAAGTCGCGTTCGCTGGCG 100
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381

101 AAGAATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGATAAAATCAAGAAAGTGAAGCC 150
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391

151 GTCAAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAACAGCAAAAGAAATCCGGCGGTAGT 200
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401

201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTTCACGCTGGCGAAA 250
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410

251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGTGATTGCCGTGAAGGCAACGACGAATC 300
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426

301 .....GAGTTCGAAGCTAGCTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443

336 ATTGACGACGAAAAGTGCAGCGCAACCTGATTCATCAGGCTTATGGA 385
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457

386 CTGCGCTTCGACCGCTCGCTTCAGCAAAATCCCTCCGCTAGATCCGAG 435
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluIleAlaArgLeuGluAlaGlu 473

436 CGGTTCCGCTATCTTCGTCATCGATGCGATGACCAATCTCCGCTGGTCCGA 485
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490

486 CCCTACGGTCAATCAAAAGAACCGCCGCAAGACTTCAAAACGCGGCTGT 535
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501

536 TGGTATTGACCGCTGACGCAAGCTGTAATCCATGTGTAAAGCAGCA 585
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
501 rolaalleGlyLys...ThrGluLys..... 508

586 GGGCGACAGTCGCGTCTGAAATGTCGCAATATCGAAACACATGAATT 635
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522

636 TGGCGGCGCCATCTCGCGGCTTGAGTGGCAGCACATTCATTTCATCG 685
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530

686 AGCCAGTCGCGCGGAATAAACCCTGTGGACCATCAATATCAAGCGTG 735
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
530 lulylle.....LeuGlnTyArgGluLeu 538

736 ATTGCTATCGAGCTTTGTTTCGTA..... 759
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
760 ....ACAGCGCGTCTGAATACC.....GAGCGGTGGTGGCTTG 796
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
555 oArgThrGlyArgHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
797 GCGGCTGCAAGTCAACAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
      || ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
572 lyArgLeuSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
835 GTTTTGGTGGAGGTGCTCAACTTACCGCGCGCAA..... 873
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
589 ProLeuGlyClnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 605
874 .TTGGTTGACGGGCAACCGGTGATTTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerClnIleGluLeuArgValLeu..... 619
923 CGATTCCACAAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATCAGATT 972
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
973 TCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAGAGCTGTTCCGCTGGGT 1016
      ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
630 ArgValPheGlnGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
1017 TCGCGCGCAGCGC 1029
      |||||
646 tPheGlyValPro 650

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB.pep.US-07-977-434-2
seq_documentation_block:
; Sequence 2, Application US/07977434
; Patent No. 5466591
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Gelfand, David H.
; APPLICANT: Abramson, Richard D.
; TITLE OF INVENTION: 5' TO 3' EXONUCLEASE MUTATIONS OF
; TITLE OF INVENTION: THERMOSTABLE DNA POLYMERASES
; NUMBER OF SEQUENCES: 38
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Hoffmann-La Roche Inc.
; STREET: 340 Kingsland Street
; CITY: Nutley
; STATE: New Jersey
; ZIP: 07110-1199
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: Macintosh
; OPERATING SYSTEM: 7
; SOFTWARE: WordPerfect 2.1
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/07/977,434
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 590,490
; FILING DATE: 28-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 590,466
; FILING DATE: 28-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 590,213
; FILING DATE: 28-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 523,394
; FILING DATE: 15-MAY-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 143,441
; FILING DATE: 12-JAN-1988
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 063,509
```

```

; FILING DATE: 17-JUN-1987
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 899,241
; FILING DATE: 22-AUG-1986
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 746,121
; FILING DATE: 15-AUG-1991
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: WO PCT/US90/07641
; FILING DATE: 21-DEC-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 585,471
; FILING DATE: 20-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 455,611
; FILING DATE: 22-DEC-1989
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 609,157
; FILING DATE: 02-NOV-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 557,517
; FILING DATE: 24-JUL-1990
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Luann Cserr
; REGISTRATION NUMBER: 31,822
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: Case No. 5466591 8753
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (510) 814-2972
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-07-977-434-2

alignment_scores:
      Quality: 97.00      Length: 371
      Ratio: 0.584      Gaps: 19
      Percent Similarity: 44.744      Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-07-977-434-2

Align seg 1/1 to: US-07-977-434-2 from: 1 to: 832

1 ATGATTAATAATCAAAAAGTCTTAAATCTGCCATCGCGGCAGACCGGA 50
   ::::: ::::: ||||| ::::: |||
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspAspProme 374
   ::::: ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
51 GCAAGTCATTATGACGGCGCGCCCATACCGAAGTCGCGTTCGTCGGC 100
   ::::: ||| ::::: |||||
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
101 AGAATATATCGGCATCGCCCTCGATGAAAAATCAAGGAAGTGAAGC 150
   ||||| ||||| ||||| |||||
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTCTTTTGAAGACAAAAAATCCGGCGGTAGT 200
   ::||| ::||| ::|||
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGlu..... 401
201 ATTTACTGCGCGGTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAA 250
   ::||| ::||| ::|||
402 .....AlaGlyGluArgAlaLeu.....SerG 410
251 ACGCGGTACTTCAGTCAGTCGTGATTGCGGTGAAGCAACGACGAAATC 300
   ::||| ::||| ::|||
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426
301 .....GAGTTCGACGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCGAA 335
   ||| ||||| ::| ::|||
```

```

; TITLE OF INVENTION: Modified Thermo-Resistant DNA
; TITLE OF INVENTION: Polymerases
; NUMBER OF SEQUENCES: 15
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Allegretti & Witcoff
; STREET: 10 South Wacker Drive
; CITY: Chicago
; STATE: IL
; COUNTRY: USA
; ZIP: 60606
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: Apple Macintosh
; OPERATING SYSTEM: Macintosh
; SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/156,020
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Greenfield Ph.D., Michael S.
; REGISTRATION NUMBER: 37,142
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 93,413
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (312)715-1000
; TELEFAX: (312)715-1234
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-156-020-2

alignment_scores:
    Quality: 97.00      Length: 371
    Ratio: 0.584        Gaps: 19
    Percent Similarity: 44.744    Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-156-020-2 ..

Align seg 1/1 to: US-08-156-020-2 from: 1 to: 832

1 ATGATTAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGACACCGGA 50
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
358 ValLeuAlaLeuArgGluGluGlyLeuProGlyAspProme 374
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
51 GCAAGTCATTATGACGCGCCGCCATTACCGAAGTCGCGTGTGCG 100
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
101 AAGAATATGTCGGCATGCGCCCTCGATCAAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTCTTTTGAAGACAAAAAAGATCCGGCGTAGT 200
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGlu..... 401
201 ATTTACTGCGCGGCTTACGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
402 .....AlaGlyGluArgAlaLeu.....SerG 410
251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCAGTTCGCGTTCGCGTTCGCGTTCGCGTTC 300
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 iuArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426
301 .....GAGTTCGAAGCGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCAGA 335
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443

```

```

427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
336 ATTGACGACGAAAAGTCGCGCAACCTGATTCAATCAGCGCTTATGGA 385
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
386 CTGCGGCTTCGACCGCTCGGTTCAGAAATCCCTCCGCTAGATCGCGAG 435
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 473
436 CCGTTCGCCATCTTCGTCAATGCGTGGACCAATCCATGCTGTAAAGCAGCA 485
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
474 valPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
486 CCCTACGGTCATCATCAAAAGACCGCGCAAGACTTCAAAACGCGCTGT 535
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
536 TGTATTGAGCCGCTGACCGGACGTAATCCATGCTGTAAAGCAGCA 585
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
586 GCGCGACGCTGCGCTGCAAAATGTCGCAATATCGAAACACATGAATT 635
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
636 TGGCGGCGCCATCCCTGCGCGCTGTAGTGGCAGCGACATTCATTCATCG 685
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
686 AGCAGTCGCGCGCAATAAAACCGTGTGGACCATCAATTATCAAGACGTG 735
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
530 lLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
736 ATTGCTATCGGAGCTTGTTCGTA..... 759
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
760 ....ACAGCGCGCTGAATACC.....GAGCGGTGTGTCCTGG 796
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
797 GCGGCTTCGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
572 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
835 GTTTGGTGGCGAAGTGTCTCAACTTACCGCGCGCA..... 873
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 605
874 .TTGTTGACGCGGACACCGCGTATTCGCGTTCGCTGTTAACCGTG 922
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
923 CGATTGCAAGCGCGCATGATTATTGAGACGCTACCAATACAGATT 972
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
973 TCGGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGCGCTGGT 1016
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
630 ArgValPheGlnGluArgArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
1017 TGCGCCGCGCGCGC 1029
646 tPheGlyValPro 650

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/3A_COMB pep:US-08-156-020-2

seq_documentation_block:
; Sequence 2, Application US/08156020
; Patent No. 5474920
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Moses M.D., Robb E.

```



```
336 ATTGACGAGGAAAAAGTGGCGGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385
      ::::: ||||| :::::
443 smetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
      ::::: ||||| :::::
386 CTGCGCTTCGACCGCTCGCTTCAGCAAAATCCCTGCTAGATCGCGAG 435
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 473
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
436 CGGTTGCGCATCTGCTCAATCGATGGACCACTCGCTGCTGCCGA 485
      ||| ::::: ||||| ::::: |||||
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
      ::::: ||||| ::::: |||||
486 CCTACGGTCAATCAAGAAGCGCGGAGACTTCAACGCGCCTGT 535
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
536 TGGTATTGAGCGCTGACCGCAACCTGATGTTGTTAAACGACA 585
      ::::: ||||| ::::: |||||
501 roAlaileGlyLys...ThrGluLys..... 508
      ::::: ||||| ::::: |||||
586 GCGCAGACGTCGCTGCTGAAATGCTGCAATATCGCAACACATGAATT 635
      ::::: ||||| ::::: |||||
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
      ::::: ||||| ::::: |||||
636 TGGCGCGCGCATCTGCTGCGGCTGAGTGGCAGCACATTCATTCATCG 685
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
      ::::: ||||| ::::: |||||
686 AGCCAGTCGCGCGCAATAAAACCGTGGACCATCAATTATCAAGACGTG 735
      || ::::: ||||| ::::: |||||
530 luLysile.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
      ::::: ||||| ::::: |||||
736 ATTGCTATCGGACGTTTCTTCGTA..... 759
      ::::: ||||| ::::: |||||
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
      ::::: ||||| ::::: |||||
760 ...ACAGCGCTCGATACCC.....GAGCGCGTGTTCCTGCGTGG 796
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
      ::::: ||||| ::::: |||||
797 CGGCGCTCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
572 lyArgLeuSerSerSerAspAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
      ::::: ||||| ::::: |||||
835 GTTTTGGTGGAGGTGTCTCACTTACCGCGCGCAA..... 873
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGlyTyrPLe 605
      ::::: ||||| ::::: |||||
874 .TTGGTTGACGCGGACACCGCGTGTTCGCTGCTGTTGACCGGTG 922
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
      ::::: ||||| ::::: |||||
923 CGATTGACAGGCGCGCATGATTATTGGGACCTACCACTACGATT 972
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
      ::::: ||||| ::::: |||||
973 TCCGTTATCAAGAGCGCGCAGC.....AAGAGCTGTTCGCTGGGT 1016
      ||||| ::::: ||||| ::::: |||||
630 ArgValPheGlnGluGlyArgGspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
      ::::: ||||| ::::: |||||
1017 TGGCGCGCAGCGC 1029
      ::::: |||||
646 tPheGlyValPro 650
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/1aa/5A\_COMB.pep:US-08-156-020-4

seq\_documentation\_block:

; Sequence 4, Application US/08156020

; Patent No. 5474920

; GENERAL INFORMATION:

; APPLICANT: Moses M.D., Robb E.

; TITLE OF INVENTION: Modified Thermo-Resistant DNA

; TITLE OF INVENTION: Polymerases

```
NUMBER OF SEQUENCES: 15
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESS: Allegretti & Witcoff
STREET: 10 South Wacker Drive
CITY: Chicago
STATE: IL
COUNTRY: USA
ZIP: 60606
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: Apple Macintosh
OPERATING SYSTEM: Macintosh
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/156,020
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Greenfield Ph.D., Michael S.
REGISTRATION NUMBER: 37,142
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 93,413
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (312)715-1000
TELEFAX: (312)715-1234
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 832 amino acids
TYPE: amino acid
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: protein
US-08-156-020-4
```

alignment\_scores:

Quality: 97.00 Length: 371  
Ratio: 0.584 Gaps: 19  
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment\_block:

US-09-303-518D-131 x US-08-156-020-4 ..

Align seg 1/1 to: US-08-156-020-4 from: 1 to: 832

```
1 ATGATTAATAAATAAAAAAGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50
      ::::: ||||| ::::: |||||
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
      ::::: ||||| ::::: |||||
51 GCAAGTCATTTATGAGCGCGCGCCATACCGAAGTCGCGTTGCTTGGCG 100
      ::::: |||||
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
      ::::: |||||
101 AAGAAATATGTCGCGATGCGCCCTCGATCAAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
      ::::: |||||
382 .....ProSerAsnThrThrProGlyValAla 391
      ::::: |||||
151 GTCAAAAAAGGCCAAGTGTCTGTTGAAGACAAAAAAGAAATCCGCGGTAGT 200
      ::::: |||||
392 A-gArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401
      ::::: |||||
201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCCGCTATTACCGTGGCGAA 250
      ::::: |||||
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....Serg 410
      ::::: |||||
251 AGCGGTACTTTCAGTCAGTCGATGTTGCGGTGAAGCAACGACGAAATC 300
      ::::: |||||
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluGluArgLeu 426
      ::::: |||||
301 .....GAGTTCGACGCTACCTGAGCGCTGGCAAA 335
      ::::: |||||
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
      ::::: |||||
336 ATTGAGCAGCGAAAGAGTGGCGCGCAACCTGATCAATCAGCTTATGGA 385
      ::::: |||||
```

```
443 smetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
386 CTCGGTTCCACCCCTCGCTTCAGCAAAATCCCTCCGTAGATCCGAG 435
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 473
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
436 CCCTTCGCCATCTTCGTCATGCGATGGACACCAATCCGCTGCGTCCGA 485
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
486 CCCTAGCGTCATCATCAAGAAAGCCCGCAGAGACTTCAAAACGGCGCTT 535
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
536 TGGTATTGACCGCCCTGACCGACGTAACGTAATCCATGTGTAAAGCAGA 585
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
586 GGGCAGCAGCTGCGCTGCTGAAATGCTGCAATATCGAAACACATGAAT 635
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
636 TGGCGGCCCGCATCTCTCCGCTGTGAGTGGCAGCAGCATTCATTTCATCG 685
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
686 AGCAGTCGGCGGGAATAAACCGTGTGGACCATCAATTATCAAGAGCTG 735
|| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
530 luLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
736 ATTGCTATCGACGTTGTTCGTA..... 759
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
760 ...ACAGCGCGCTGTAATACC.....GAGCGCGTGGTTCCTGG 796
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
797 CGCGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
|| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
572 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
835 GTTTTGGTGGCAAGGTCTCTCAACTTACCGCGCGCA..... 873
589 ProLeuGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 605
874 ..TGGTTGACCGGACACACCGCTGATTTCGGTTCGTTGATTAACCGTG 922
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
923 CGATTGCACAAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATCAGATT 972
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGCTGGGT 1016
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpme 646
1017 TGGCGCGCAGCGG 1029
646 tPheGlyValPro 650

seq_name: /cgn2_6/prodata/1/iaa/5A_COMB pep:US-08-156-020-6
seq_documentation_block:
; Sequence 6, Application US/08156020
; Patent No. 5474920
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Moses M.D., Robb E.
; TITLE OF INVENTION: Modified Thermo-Resistant DNA
; TITLE OF INVENTION: Polymerases
; NUMBER OF SEQUENCES: 15
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
```

```
386 CTGCGCTTCGACCCGTCCTCCGTTACGAAATCCCTGCGCTAGATGCCGAG 435
|||||
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 473
|||
436 CCGTTCGCCATCTCGTCATGCGATGAGGACACCAATCCGCTGCTGCCGA 485
|||
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
|||
486 CCCTACGTCATCATCAAAAGCCGCGGAAGACTTCACACGCGGCTGT 535
|||||
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
|||||
536 TGGTATTGACCGCGCTGACGACGAGTAATAATCCATGCTGTAAAGCAGCA 585
|||||
501 roAlaLeuGlyLys...ThrGluLys..... 508
|||||
586 GCGCGACAGCTGCGCTGCAATATGCGCAATATATGCAACACATGAAT 535
|||||
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
|||||
636 TGGCGCGCGCATCTCGCGCTGAGTGGCAGCACATTCATTCATCG 685
|||||
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
|||||
686 AGCCAGCTCGCGGCAATAAACCGTGTGACCATCAATATCAAGACGTG 735
|||||
530 LuLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
|||||
736 ATTGCTATCGGAGCTTTGTTGCTGA..... 759
|||||
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
|||||
760 ....ACAGCGCGTCTGAATACC.....GAGCGCGTGTGCTGCTGG 796
|||||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
|||||
797 GCGCGCTGCAAGTCAACAAACGCGCCTC.....TTGGGTACC 834
|||||
572 LyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
|||||
835 GTTTGGGTGCGAAGGTGCTCAACTTACCGCGCGCGAA..... 873
|||||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTriple 605
|||||
874 .TTGTTGACGCGGACACCGCGTATTCGCGTTCGCTATTAACGGTG 922
|||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
|||||
923 CGATTGCACAAGCGCGCATGATTATTGCGGACGCTACCAATCAGATT 972
|||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGlnAsnLeuLe 629
|||||
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGAGC.....AAAGAGCTGTTCGCGTGGT 1016
|||||
630 ArgValPheGlnGluArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTyrPme 646
|||||
1017 TCGCGCGCGCGG 1029
|||||
646 tPheGlyValPro 650
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/iaa/5A\_COMB.pep:US-08-156-020-8

seq\_documentation\_block:  
; Sequence 8, Application US/08156020  
; Patent No. 5474920  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Moses M.D., Robb E.  
; TITLE OF INVENTION: Modified Thermo-Resistant DNA  
; NUMBER OF INVENTION: Polymerases  
; NUMBER OF SEQUENCES: 15  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSEE: Allegretti & Witcoff  
; STREET: 10 South Wacker Drive

CITY: Chicago  
STATE: IL  
COUNTRY: USA  
ZIP: 60606  
COMPUTER READABLE FORM:  
MEDIUM TYPE: Floppy disk  
COMPUTER: Apple Macintosh  
OPERATING SYSTEM: Macintosh  
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25  
CURRENT APPLICATION DATA:  
APPLICATION NUMBER: US/08/156,020  
FILING DATE:  
CLASSIFICATION: 435  
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
NAME: Greenfield Ph.D., Michael S.  
REGISTRATION NUMBER: 37,142  
REFERENCE/DOCKET NUMBER: 93/413  
TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
TELEPHONE: (312)715-1000  
TELEFAX: (312)715-1234  
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 8:  
SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
LENGTH: 832 amino acids  
TYPE: amino acid  
TOPOLOGY: linear  
MOLECULE TYPE: protein  
US-08-156-020-8

alignment\_scores:  
Quality: 97.00 Length: 371  
Ratio: 0.584 Gaps: 19  
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment\_block:

US-09-303-518D-131 x US-08-156-020-8 ..

Align seg 1/1 to: US-08-156-020-8 from: 1 to: 832

```
1 ATGATTAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGACACCGGA 50
|||||
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspAspProme 374
|||||
51 GCAAGTCATTATGACGCGCGCGCATACCGAAGTCCGCTGCTGGCG 100
|||||
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
|||||
101 AAGAATATGCGGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
|||||
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
|||||
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGCTGTTTGAAGACAAAGAAATCCGGCGTAGT 200
|||||
392 ArgArgTyrGlyGlyGluThrThrGluGlu..... 401
|||||
201 ATTTACGCGCGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTTCACCGTGGCGAAA 250
|||||
402 .....AlaGlyGluArgAlaLeu.....SerG 410
|||||
251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGCTGATTGCGCTTGAAGCAACGACGAAATC 300
|||||
410 IuArgLeuPheAlaAsnLeuTyrGlyArgLeuGlyGlyGluGluArgLeu 426
|||||
301 .....GAGTTCGAACGCTACGTACCTGAAGCGCTGCAAA 335
|||||
427 LeuTyrLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
|||||
336 ATTGACGACGGAAGAGTGGCGGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385
|||||
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
|||||
386 CTGCGCTTCGACCCGCTCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGCTAGATGCCGAG 435
|||||
```

```
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeAlaArgLeuGluAlaGlu 473
436 CCCTGCGCCATCTTCGTCATGCGATGCGATGAGACCAATCCGCTGCGCGA 485
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
486 CCCTACGGTCATCATCAAGAAGCCCGGAGACATTCACACGGCGCTGT 535
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu 501
536 TGGTATTGAGCCGCTGACCGAAGCAATCAATCCATGCTGTAAAGCAGCA 585
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys 508
586 GGGCAGACGTGCGCTGTAATGTCGCAATATCGAACACATGAATT 635
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla 522
636 TGGCGGCGCCGATCCTCGCGCTTGAGTGGCAGCCACATTCATTTCATCG 685
522 uArgGluAlaHisPro 530
686 AGCCAGTCGCGCGAATAAACCCTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
530 lylsIle 538
736 ATTCTATCGGACGTTTGTTCGTA 759
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuLeHisPr 555
760 ...ACAGCGCGTGTGAATACC 796
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
797 GCGGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC 834
572 lylArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
835 GTTTGGTGGGAGAGGTCTCACTTACCGCGCGAA 873
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGlyTrpLe 605
874 TTGGTTGACGCGGACACCGCGTGAATTCGGTTCGGTATTAACCGGTG 922
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu 619
923 CGATTGCCAAGGCGCGCATATTATTGGACGCTACCAACATCAGATT 972
620 629
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGAGC 1016
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
1017 TCGCGCGCAGCGG 1029
646 tPheGlyValPro 650

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB pep.US-08-156-020-10

seq_documentation_block:
; Sequence 10, Application US/08156020
; Patent No. 5474920
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Moses M.D., Robb E.
; TITLE OF INVENTION: Modified Thermo-Resistant DNA
; TITLE OF INVENTION: Polymerses
; NUMBER OF SEQUENCES: 15
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESS: Allegretti & Witcoff
; STREET: 10 South Wacker Drive
; CITY: Chicago
; STATE: IL
```

```
436 CCGTTCGCCCATCTTCGTCATCGATGGACACCAATCCGCTGCCGGA 485
    |||
    :
    :
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
    |||
    :
    :
486 CCCTACGGTCATCATCAAGACAGCCGCCAAGACTTCAACACGGGCGCTGT 535
    |||
    :
    :
490 uGluArgValLeuPheAspGlnLeu.....GlyLeuP 501
    |||
    :
    :
536 TGGTATTGAGCCGCCCTGACCGAAGCTGTAATCCATGCTGTAAAGCAGCA 585
    :
    :
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
    :
    :
586 GCGCAGACGTCGCCCTCTGCAATGCTGCCAATATCGAAACACATCAATT 635
    :
    :
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaValLeuGluAla.....Le 522
    :
    :
636 TGGCGGCCCGCATCTCTCGCGGCTTGAGTGGCAGCAGCATTCATTCATCG 685
    :
    :
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
    :
    :
686 AGCAGTCCGCGGGAATAAACCGTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
    :
    :
530 LuLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
    :
    :
736 ATTGCTATCGGACGTTTGTTCGTA..... 759
    :
    :
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
    :
    :
760 ....ACAGCCGCTCGAATACC.....GAGCGCTGTTGCTTGG 796
    |||
    :
    :
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
    :
    :
797 GCGGCTCGAAGTCAACAAACCGCGCCTC.....TTGGGTACC 834
    :
    :
572 LyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
    :
    :
835 GTTTTGGGTGCGAAGGTCTCAACTTACCGCGCGCAA..... 873
    :
    :
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGlyTyrPLe 605
    :
    :
874 .TTGGTTGACGCGGACACCGCTGATTTCGGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
    |||
    :
    :
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
    :
    :
923 CGATTGCACAGGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATCAGATT 972
    :
    :
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
    :
    :
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTTCGCTGGGT 1016
    :
    :
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
    :
    :
1017 TGGCGCGCAGCGCG 1029
    :
    :
646 tPheGlyValPro 650
```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/1aa/5A\_COMB.pep:us-08-073-384C-4

seq\_documentation\_block:

Sequence 4, Application US/08073384C

Patent No. 5541311

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Dahlberg, James E.

APPLICANT: Lyamichiev, Victor I.

APPLICANT: Brow, Mary Ann D.

TITLE OF INVENTION: SYNTHESIS-DEFICIENT THERMOSTABLE DNA

NUMBER OF SEQUENCES: 29

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: HAVERSTOCK, MEDLEN & CARROLL

STREET: 220 Montgomery Street, Suite 2200

CITY: San Francisco

STATE: California

```

;
; COUNTRY: United States of America
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/073,384C
; FILING DATE: 04-JUN-1993
; CLASSIFICATION: 536
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/986,330
; FILING DATE: 07-DEC-1992
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Carroll, Peter G.
; REGISTRATION NUMBER: 32,837
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-00613
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 415/705-8410
; TELEFAX: 415/397-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-073-384C-4
```

alignment\_scores:

```
Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102
```

alignment\_block:

US-09-303-518D-131 x US-08-073-384C-4

Align seg 1/1 to: US-08-073-384C-4 from: 1 to: 832

```
1 ATGATTAATAATCAAAAAAGGTCTAAATCTGCCCATCGCGGACAGACCGGA 50
    :
    :
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
    :
    :
51 GCAAGTCATTATGACGCGCCGCCATTACCGAAGTCGCGTTCGTTGGCG 100
    :
    :
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
    :
    :
101 AGAATATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGAAAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
    :
    :
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
    :
    :
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTGTTTGAAGACAAAAAAGAAATCCGGCGTACT 200
    :
    :
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu..... 401
    :
    :
201 ATTACTGCGCGGCTTCAGGCNAATCGCGCTATTACCGTGGCGGAAA 250
    :
    :
402 .....AlaGlyGluArgAlaLeu.....SerG 410
    :
    :
251 AGCGCTACTTCAGTCAGTCGTTGCGGTTGAAGGCAACGACCAATC 300
    :
    :
410 LuArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluGluLeu 426
    :
    :
301 .....GAGTTCGACGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
    :
    :
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
    :
    :
336 ATTGAGCAGCGAAAAAGTCCGCGCAACCTGATTCATCAGGCTTATCGA 385
    :
    :
443 smetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
```

```

386 CCGCGTTCGACCGCGTCCGTTACGACAAATCCCTCCGCGTAGATCCGAG 435
||||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluAlaArgLeuGluAlaGlu 473
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
436 CCGTTCGCGCATCTTCGTCATCGGATGGACACCAATCCGCTGGCTGCGGA 485
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgSpGlnLe 490
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
486 CCCTAGCGTCATCATCAAGAAGCCGCCGAGACTTCAACCGCGCCTGT 535
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
536 TGGTATTGACCGCGCCGACGACGACGACGACGACGACGACGACGACG 585
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
501 roAlaIleGlyLys...ThruLys..... 508
586 GCGCGACGCGCGCTGCAATGCTGCAATATCGAAACACATGAAT 635
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
509 ...ThruGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
636 TGGCGCGCGCGCATCTTCGCGCGCTTGAGTGGCAGCAGCACATTCATTC 685
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
686 AGCAGTCGCGCGCATAAACCGTGGACCATCAATATCAAGACG 735
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
530 lylusile.....LeuGlnTrpArgGluLeu 538
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
736 ATTGCTATCGGAGCTTGTTCGTA..... 759
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
539 ThrLysLeuLysSerThrTyIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
760 ...ACAGCGCTGTAATACC.....GAGCGCGTGTTCCTGG 796
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
797 GCGCGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
572 lylArgLeuSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
835 GTTGTGGTGGAGGTGCTCAACTTACCGCGCGCGAA..... 873
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 605
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
874 .TTGTTTACCGCGACACCGCGTATTCGCTGCTGTTTGAACG 922
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
605 uLeuValAlaLeuAspTrpSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
923 CGATTGACAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCAATATCAGATT 972
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
973 TCGGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGCTGGT 1016
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
1017 TGGCGCGCGCGCG 1029
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
646 tPheGlyValPro 650
||| : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB.pep:US-08-254-359A-4
seq_documentation_block:
: Sequence 4, Application US/08254359A
: Patent No. 5614402
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: DAHLBERG, JAMES E.
: APPLICANT: LYAMICHEV, VICTOR I.
: APPLICANT: BROW, MARY ANN D.
: TITLE OF INVENTION: 5' NUCLEASES DERIVED FROM THERMOSTABLE
: TITLE OF INVENTION: DNA POLYMERASE
: NUMBER OF SEQUENCES: 40
: CORRESPONDENCE ADDRESS:

```

```

ADDRESSEE: HAVERSTOCK, MEDLEN & CARROLL
STREET: 220 MONTGOMERY STREET, SUITE 2200
CITY: SAN FRANCISCO
STATE: CALIFORNIA
COUNTRY: UNITED STATES OF AMERICA
ZIP: 94104
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/254,359A
FILING DATE:
CLASSIFICATION: 435
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 08/073,384
FILING DATE: 06-JUN-1993
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 07/986,330
FILING DATE: 07-DEC-1992
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: CARROLL, PETER G.
REGISTRATION NUMBER: 32,837
REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-01000
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (415) 705-8410
TELEFAX: (415) 397-8338
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 832 amino acids
TYPE: amino acid
STRANDEDNESS: single
TOPOLOGY: linear
MOLECULE TYPE: protein
US-08-254-359A-4

```

```

alignment_scores:
Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518d-131 x US-08-254-359A-4 ..
Align seg 1/1 to: US-08-254-359A-4 from: 1 to: 832

1 ATCATTAATAAATAAAGTCTAAATCTGCCATCGCGGCGACACCGGA 50
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
51 GCAAGTCATTATGACGGCGCGCCATTACCGAAGTCGCGTTGTTGGC 100
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
374 tLeuLeuAlaTy.....LeuLeuAsp. 381
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
101 AGAATATCTCGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGAGGTGAAGC 150
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
382 .....ProSerAsnThrThrProGlyValAla 391
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
151 GTCAAAAAGGCCAAGTGTCTTTGAAGACAAAAAATCCGGCGTAGT 200
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
392 ArgArgTyGlyGlyTrpThrGlu..... 401
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
201 ATTACTGCGCGCTTACGAGGAAATCCCGCTATTACCGTGGGAAA 250
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
402 .....AlaGlyLeuArgAlaAlaLeu.....SerG 410
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
251 AGCGCTACTTCACTCAGTCGTCATTCCGCTTCAAGGCAACGACGAAATC 300
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyLeu 426
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
301 .....GAGTTCGAACGCTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
||||| ||||| ||||| |||||
336 ATTCAGCAGCAAAAGATGGCGCGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385
||||| ||||| ||||| |||||
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
||||| ||||| ||||| |||||
386 CTGCGTTCACCGCCCTGCTTCCAGCAAAATCCCTGCGTAGATGCCGAG 435
||||| ||||| ||||| |||||
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluLuleAlaArgLeuGluAlaGlu 473
||||| ||||| ||||| |||||
436 CCCTTCGCCATCTCTCAATCGATGGACACCAATCCCGCTGCTGCCGA 485
||||| ||||| ||||| |||||
474 valPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
||||| ||||| ||||| |||||
486 CCTACGGTCATCATCAAGACGCCCGCAAGACTTCAAAACGCCGCTGT 535
||||| ||||| ||||| |||||
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
||||| ||||| ||||| |||||
536 TGGTATTGAGCGCGCTGACGACGACGTAATCCATCTGTGTAAGACGCA 585
||||| ||||| ||||| |||||
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
||||| ||||| ||||| |||||
586 GCGCAGACGTCGCGTCTCAAAATGCTGCCAATATCGAAACACATGAATT 635
||||| ||||| ||||| |||||
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
||||| ||||| ||||| |||||
636 TGGCGCGCGCATCTCTGCGGCTTGGTGGCAGCACATTCATTCATCG 685
||||| ||||| ||||| |||||
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
||||| ||||| ||||| |||||
686 ACCCAGTCGCGCGCAATAAACCGTGTGACCATCAATTAACAGACGTG 735
||||| ||||| ||||| |||||
530 luleysile.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
||||| ||||| ||||| |||||
736 APTGTCATCGGACGTTTGTCTGTA..... 759
||||| ||||| ||||| |||||
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
||||| ||||| ||||| |||||
760 ....ACAGCGCTCGAATACC.....GAGCGCTGTTGCTGCTGG 796
||||| ||||| ||||| |||||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
||||| ||||| ||||| |||||
797 GCGGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
||||| ||||| ||||| |||||
572 lyArgLeuSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
||||| ||||| ||||| |||||
835 GTTTGGTGCAGAGGTGTCTCAACTTACCGCGCGCA..... 873
||||| ||||| ||||| |||||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrpLe 605
||||| ||||| ||||| |||||
874 .TTGTTTACCGCGCACACCGCGTGTTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
||||| ||||| ||||| |||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
||||| ||||| ||||| |||||
923 CGATTGCACAGCGCGCATGATTATTGGACGCTACCAATCAGATT 972
||||| ||||| ||||| |||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
||||| ||||| ||||| |||||
973 TCCGTTATCGAAGCGCGCGAGC.....AAAGAGCTGTTCGCGTGGT 1016
||||| ||||| ||||| |||||
630 ArgValPheGlnGluArgAspIleHisThrGlnThrAlaSerTrpMe 646
||||| ||||| ||||| |||||
1017 TGCGCCGCGCGCG 1029
||||| ||||| ||||| |||||
646 tPheGlyValPro 650

alignment_scores:
Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-483-043-4
Align seg 1/1 to: US-08-483-043-4 from: 1 to: 832

1 ATGATTAAATCAAAAAGGTCTAAATCTGCCATCGCGCGCAGACCGGA 50
||||| ||||| ||||| |||||
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuProGlyAspProme 374
||||| ||||| ||||| |||||
51 GCAAGTCATTATGAGCGCGCGCATTTACCGAGTCGCGTTCGTTGGG 100
||||| ||||| ||||| |||||
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
||||| ||||| ||||| |||||
101 AAGAATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGATAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
||||| ||||| ||||| |||||
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
||||| ||||| ||||| |||||
151 GTCAAAAAGCGCAAGTCTGTTTGAAGACAAAAGAAATCCGCGCGTAGT 200
||||| ||||| ||||| |||||
392 ArgArgTyrGlyGlyGluThrThrGlu..... 401
||||| ||||| ||||| |||||
201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTTCACCGTGCAGAA 250
||||| ||||| ||||| |||||
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....Serg 410
||||| ||||| ||||| |||||

seq_name: /cqn2.6/ptodata/1/1aa/5A_COMB.pep:US-08-483-043-4
seq_documentation_block:
; Sequence 4, Application US/08483043
; Patent No. 5691142
; GENERAL INFORMATION:
```

```
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5A_COMB.pep:US-08-458-819-2
seq_documentation_block:
; Sequence 2, Application US/08458819
; Patent No. 5795762
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Gelfand, David H.
; APPLICANT: Abramson, Richard D.
; TITLE OF INVENTION: 5' TO 3' EXONUCLEASE MUTATIONS OF
; TITLE OF INVENTION: THERMOSTABLE DNA POLYMERASES
; NUMBER OF SEQUENCES: 38
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Hoffmann-La Roche Inc.
; STREET: 340 Kingsland Street
; CITY: Nutley
; STATE: New Jersey
; ZIP: 07110-1199
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: Macintosh
; OPERATING SYSTEM: 7
; SOFTWARE: WordPerfect 2.1
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/458,819
; FILING DATE: 02-JUN-1995
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 07/977,434
; FILING DATE: 23-FEB-1993
; APPLICATION NUMBER: US 590,490
; FILING DATE: 28-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 590,466
; FILING DATE: 28-SEP-1990
; APPLICATION NUMBER: US 590,213
; FILING DATE: 28-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 523,394
; FILING DATE: 15-MAY-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 143,441
; FILING DATE: 12-JAN-1988
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 063,509
; FILING DATE: 17-JUN-1987
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 899,241
; FILING DATE: 22-AUG-1986
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 746,121
; FILING DATE: 15-AUG-1991
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: WO PCT/US90/07641
; FILING DATE: 21-DEC-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 585,471
; FILING DATE: 20-SEP-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 455,611
; FILING DATE: 22-DEC-1989
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 609,157
; FILING DATE: 02-NOV-1990
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 557,517
; FILING DATE: 24-JUL-1990
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Luanm Cserf
; REGISTRATION NUMBER: 31,822
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: Case No. 5795762 8753
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (510) 814-2972
```



```

alignment_scores:
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584
  Percent similarity: 44.744  Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-458-819-2  ..

Align seg 1/1 to: US-08-458-819-2 from: 1 to: 832

1  ATGATTAAAAATCAAAAAGGCTCTAAATCTGCCATCGCCGCGGCGACACCGGA 50
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspAspProme 374
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
51  GCAAGTCATTATTGACGGCGCGGCCCATACCGAAGTCGCGTTGCTTTGGCG 100
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp..681

101 AAGAATATGTCGSCATGCGCCCTCGATCAAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391

151 GTCAAAAAGGCGCAAGTGTGTTTGAAGCAAAAAAGATCCGGCGGTAGT 200
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTrpThrGluGlu.....401

201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAGAAATCCCGCTATTACCGTCGGCGAA 250
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410

251 AGCGCGTACTTCAGTCAGTCGTGATTGCGGTGAAGGCAACGACGAAATC 300
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGlyGluGluArgLeu 426

301 .....GAGTTCAGACGCTAGCTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443

336 ATTGAGCAGCGAAAAAGTCGCGCGCAACTGATTCAATCAGCGTTATGGA 385
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457

386 CTGCGCTGCGCACCGCTCGGTTCAGCAAAATCCCTGCGTAGATGCCGAG 435
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluIleAlaArgLeuGluAlaGlu 473

436 CGGTTGCGGCATCTTCGTAATGCGATGACACCACTCCGCTGGCTGCCGA 485
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490

486 CCCTACGGTCATCATCAAGAAAGCGCGCGAAGACTTCAACGCGCGCTGT 535
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501

536 TGGTATTGACGGCGCTGACCAACGTAATAATCCATGTGTAAAGACGACA 585
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys.....508

586 GCGCAGACAGTCCGCTCTGAAATAGTCCCAATATCGAAACACATGAATT 635
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522

636 TGGCGGCCGCATCCTGCCGCGCTTAGTGGCAGCAGCATTCATTTCATCG 685
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```



```

; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 07/986,330
; FILING DATE: 07-DEC-1992
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Ingolia, Diane E.
; REGISTRATION NUMBER: 40,027
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-01800
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 705-8410
; TELEFAX: (415) 397-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-471-066B-4
;
alignment_scores
  Quality: 97.00      Length: 371
  Ratio: 0.584      Gaps: 19
  Percent Similarity: 44.744      Percent Identity: 22.102
;
alignment_block
US-09-303-518D-131 x US-08-471-066B-4
;
Align seg 1/1 to: US-08-471-066B-4 from: 1 to: 832
;
1 ATGATTAAATCAAAAAGTCTAATCGCCATCGCGGCGAGACCGA 50
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
51 GCAAGTATTTATGACGGCCGCCATTACCGAAGTCGCTGTCGCG 100
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
;
101 AGAATATGTCGGCATGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGGTGAAGCC 150
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
;
151 GTCAAAAAGGCAAGTCTGTTCAGACACAAAGAAATACCGGCGTAGT 200
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
392 ArgArgTyrGlyGlyTyrThrGlu..... 401
;
201 ATTACTGCGCGGCTTCAGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410
;
251 AGCGGTACTTCAGTCAGTCGTGATGCGGTGAAGCAACGACGAATC 300
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
410 LuArgLeuPheAlaAsnLeuTyrGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426
;
301 .....GAGTTCGAACGCTACCTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
427 LeuTyrLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
;
336 ATTGAGCAGCAAAAGTGGCCGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
;
386 CTGGCTTCGACCCCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGGTAGATGCGCAG 435
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
457 rGAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 473
;
436 CCGTTCGCCATCTTCGTCATGTCGATGACACCAATCCGCTGGCTGCCGA 485
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
;
486 CCCTACGGTCATCAAGAGCCGCCGAGACTTCAACGGCGCGCTGT 535
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501

```

```

536 TGGTATTGAGCGCGCTGACCGAAGCTAAATCCATGTGTGTAAAGCAGCA 585
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
501 roAlaileGlyLys...ThrGluLys..... 508
;
586 GCGCAGACGTCGCGTCTGAAAATGCTGCCAATATCGAAACACATGAATT 635
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522
;
636 TGGCGCGCGCATCTGCGCGCTTGAGTGGCAGCAGCATTTCATTTCATCG 685
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
522 uArgGluAlaHisPro.....lleValG 530
;
686 AGCAGTCGCGCGAATAAAACCGTGTGGACCATCAATATCAAGACGTG 735
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
530 LuLysile.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
;
736 ATTGCTATCGGACGTTTGTTCGTA..... 759
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
;
760 ....ACAGCGCTCTGAATACC.....GAGCGGTGTTGCCCTGG 796
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
;
797 GCGCGCTCTCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
572 LyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
;
835 GTTTTGGTGGCAAGGTCTCAACTTACCGCGCGGCA..... 873
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTyrLe 605
;
874 .TTGGTTGACGGGACAAACCGGTGATTTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
;
923 CGATTGCACAAGCGCGCATGATTATTGAGCGCTACCAACATCAGATT 972
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
;
973 TCGCTTATCAAGAAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCGGCTGGGT 1016
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTyrPme 646
;
1017 TGGCGCGCAGCGC 1029
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
646 tPheGlyValPro 650
;
seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/iaa/5B_COMB.pep:US-08-484-956-4
;
seq_documentation_block:
; Sequence 4, Application US/08484956
; Patent No. 5843654
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: DAHLBERG, JAMES E.
; APPLICANT: LYAMICHEV, VICTOR I.
; APPLICANT: BROW, MARY ANN D.
; APPLICANT: OLDENBURG, MARY C.
; APPLICANT: HEISLER, LAURA
; TITLE OF INVENTION: DETECTION OF p53 MUTATIONS
; NUMBER OF SEQUENCES: 114
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: HAVERSTOCK, MEDLEN & CARROLL
; STREET: 220 MONTGOMERY STREET, SUITE 2200
; CITY: SAN FRANCISCO
; STATE: CALIFORNIA
; COUNTRY: UNITED STATES OF AMERICA
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

```

```

alignment_scores:          Quality: 97.00      Length: 371
                          Ratio: 0.584      Gaps: 19
                          Percent Similarity: 44.744      Percent Identity: 22.102

alignment_block:
US-09-303-518D-131 x US-08-484-956-4      ..

Align seg 1/1 to: US-08-484-956-4 from: 1 to: 832

1  ATGATATAAATCAAAAAGGCTCTAAATCTGCCATCGCGGCGAGACCGGA 50
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
358 ValLeuAlaLeuArgGluGlyLeuGlyLeuProGlyAspProme 374
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

51  GCAGTGCATTTATGACGCCCGGCATCCGAAGTCGCGTTCCTGGCG 100
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
374 tLeuAlaIatyr.....LeuLeuAsp. 381

101 AAGAATATGCGGCATCGCCCTCGATGAAATCAAGGAAGTGAAGCC 150
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391

151 GTCAAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAAGACAAAAAAGATCCGGCGCTAGT 200
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
392 ArgArgTyrglyGlyGluTprThrGluGlu.....LeuLeu..... 401

201 ATTACTCGCCGGCTTCAGCAAAATCGCGCTATTCACCGTGGCGAA 250
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410

251 AGCGCGTACTTTCAGTCAGTCGTGATTGCCGTGTAAGGCAACGACGAATC 300
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
410 luArgLeuPheAlaasnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluGluArgLeu 426

301 .....GAGTTCGAACGTACGTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335
   : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

; APPLICANT: Iyamichev, Victor I.
; APPLICANT: Iyamichev, Natasha
; TITLE OF INVENTION: Cleavage Of Nucleic Acid Using
; TITLE OF INVENTION: Thermostable FEN-1 Endonucleases
; NUMBER OF SEQUENCES: 190
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Medlen & Carroll, LLP
; STREET: 220 Montgomery Street, Suite 2200
; CITY: San Francisco
; STATE: California
; COUNTRY: United States Of America
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/757,653
; FILING DATE:
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Ingolia, Diane E.
; REGISTRATION NUMBER: 40,027
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-02565
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 705-8410
; TELEFAX: (415) 397-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-757-653-4

```

## alignment\_scores:

```

Quality: 97.00 Length: 371
Ratio: 0.584 Gaps: 19
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102

```

## alignment\_block:

```

US-09-303-518d-131 x US-08-757-653-4

```

```

Align seg 1/1 to: US-08-757-653-4 from: 1 to: 832

```

```

1 ATGATTAAATCAAAAAGGCTAAATGTCGCCATCGCGCGCACACGGA 50
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
358 ValLeuAlaLeuArgGluGluGlyLeuProGlyAspAspProMe 374
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
51 GCAAGTCATTTATGACGCCCGCGCATACCGAAGTCGCGTTGCGG 100
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381
101 AAGATATGTCGGCATGCGCCCTCGATGAAATCAAGGAGGTGAAGCC 150
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391
151 GTCAAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAAGACAAAAGAAATCCGGCGTAGT 200
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
392 ArgArgTyrGlyGlyGluTyrThrGluGlu..... 401
201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGCAAAATCGCGCTATTACCGGTGGCGAAA 250
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410
251 AGCGGTACTTCAGTCAGTCGTGATTCGCGTTGAGGCAACAGGAATC 300
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGlyGluArgLeu 426
301 .....GAGTTCAACGCTACGTACCTGAAGCGGTGGCAAA 335

```

```

427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
336 ATTGACGACGCAAAAAGTGCAGCGCAACCTGATTCAATCAGCGCTTATGA 385
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
443 smetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
386 CTGCGCTTCGACACCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGGTAGATCGCGAG 435
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 473
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
436 CCGTTGCGCATCTTCGTCATGCGATGGACACACCAATCCGCTGGTGGCGA 485
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
486 CCCACCGTTCATCATCAAGAAGACCGCGGAGACTTCAAAACGCGCGCTGT 535
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
536 TGGTATTGACCGCGCTGACCGAACGTAAATCCATGTGTAAAGCAGCA 585
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508
586 GCGCAGACGCTGCGCTCTGAAATGCTGCAATATCGAAACACATGAATT 635
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaValLeuGluAla.....Le 522
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
536 TGGCGCGCGCATCTCGCGCTTGAGTGCACGCACATTCATTTCATCG 685
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530
586 AGCCAGTTCGGCGCAATAAAACCGTGTGGACCATCAATTATCAAGCGTG 735
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
530 luLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538
736 ATTGCTATCGGAGCTTTGTTCTGTA..... 759
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555
760 ....ACAGCGCGTCTGAATACC.....GAGCGGTGGTTGCTTGG 796
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
797 GCGGCTGCAAGTCAACAAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
572 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
835 GTTTTGGGTGCGAAGGTGTCTCAACTTACCGCGCGCGAA..... 873
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTrple 605
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
874 .TTGGTTGACGCGGACACCGCGCTGATTTCCGCTTCGGTTATTGAACGGTG 922
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
923 CGATTGCACAAGCGCGCATGATTATTTCGGACGCTACCAACATCAGATT 972
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
973 TCGGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTTTCGGTGGGT 1016
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646
   ::::: ::::: ::::: ::::: ::::: :::::
1017 TGGCGCGCAGCGCG 1029
646 tPheGlyValPro 650

```

```

seq_name: /cgn2_6/ptodata/1/1aa/5B_COMB.pep:US-08-599-491-4

```

```

seq_documentation_block:

```

```

; Sequence 4, Application US/08599491

```

```

; Patent No. 5846717

```

```

; GENERAL INFORMATION:

```



; Sequence 4, Application US/08756386  
; Patent No. 5985557  
; GENERAL INFORMATION:  
; APPLICANT: Prudent, James R.  
; APPLICANT: Hall, Jeff G.  
; APPLICANT: Lyamichiev, Victor I.  
; TITLE OF INVENTION: Invasive Cleavage Of Nucleic Acids  
; NUMBER OF SEQUENCES: 69  
; CORRESPONDENCE ADDRESS:  
; ADDRESSEE: Medlen & Carroll, LLP  
; STREET: 220 Montgomery Street, Suite 2200  
; CITY: San Francisco  
; STATE: California  
; COUNTRY: United States Of America  
; ZIP: 94104  
; COMPUTER READABLE FORM:  
; MEDIUM TYPE: Floppy disk  
; COMPUTER: IBM PC compatible  
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS  
; SOFTWARE: Patent In Release #1.0, Version #1.30  
; CURRENT APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US/08/756,386  
; FILING DATE:  
; CLASSIFICATION: 435  
; PRIOR APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US 08/682,853  
; FILING DATE: 12-JUL-1996  
; PRIOR APPLICATION DATA:  
; APPLICATION NUMBER: US 08/599,491  
; FILING DATE: 24-JAN-1996  
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:  
; NAME: Ingolia, Diane E.  
; REGISTRATION NUMBER: 40,027  
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-02564  
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:  
; TELEPHONE: (415) 705-8410  
; TELEFAX: (415) 397-8338  
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:  
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
; LENGTH: 832 amino acids  
; TYPE: amino acid  
; STRANDEDNESS: single  
; TOPOLOGY: linear  
; MOLECULE TYPE: protein  
; US-08-756-386-4

alignment\_scores:  
Quality: 97.00 Length: 371  
Ratio: 0.584 Gaps: 19  
Percent Similarity: 44.744 Percent Identity: 22.102  
alignment\_block:  
US-09-303-518D-131 x US-08-756-386-4  
Align seg 1/1 to: US-08-756-386-4 from: 1 to: 832  
1 ATGATTAATAAATAAAGTCTAAATCTGCCATCCGGGACACCGGA 50  
358 ValLeuAlaLeuArgGluGluGluLeuProGlyLeuProGlyAspProme 374  
51 GCAAGTCATTATGACGGCCGGCCATTACCGAAGTCGGCTTCGGCG 100  
374 tLeuLeuAlaTyr.....LeuLeuAsp. 381  
101 AAGAAATATGCGCATGCGCCCTCGATGAAATCAAGAAAGTGAAGCC 150  
382 .....ProSerAsnThrThrProGluGlyValAla 391  
151 GTCAAAAAGGCCAAGTCTGTTTGAAGCAAAAAGAAATCCGGCGCTAGT 200  
392 ArgArgTyrGlyGluThrThrGluGlu..... 401

201 ATTTACTGCGCGGCTTCAGGCAAAATCGCGCTATTACCGTGGCGAAA 250  
402 .....AlaGlyGluArgAlaAlaLeu.....SerG 410  
251 AGCGGTACTTTCAGTCAGTCGTGATTCGCTTGAAGCAAGCAAGCAATC 300  
410 luArgLeuPheAlaAsnLeuTrpGlyArgLeuGluGluGluArgLeu 426  
301 .....GAGTTCGAACGCTACGTACCTGAAGCGCTGGCAAA 335  
427 LeuTrpLeuTyrArgGluValGluArgProLeuSerAlaValLeuAlaHi 443  
336 ATTGAGCAGCGAAAAGTGGCCGCAACCTGATTCAATCAGGCTTATGGA 385  
443 sMetGluAlaThrGlyValArg.....LeuAspValAlaTyrLeuA 457  
386 CTGCGCTTCGCAACCGCTTCAGCAAAATCCCTGCGGTAGATGCGGAG 435  
457 rgAlaLeuSerLeuGluValAlaGluGluLeuAlaArgLeuGluAlaGlu 473  
436 CGGTCGCCCATCTTCGTAATGGGATGGACACCAATCCGCTGGCTGCCGA 485  
474 ValPheArgLeuAlaGlyHisProPheAsnLeuAsnSerArgAspGlnLe 490  
486 CCCTACGTCATCATCAAGAACGCCGCCGAGACTTCAAACGCGGCTGT 535  
490 uGluArgValLeuPheAspGluLeu.....GlyLeuP 501  
536 TGGTATTGAGCGCGCTGACCGAACGTAATAATCCATGTGTGTAAGCAGCA 585  
501 roAlaIleGlyLys...ThrGluLys..... 508  
586 GCGCGACAGTCGCGCTGAAATGTCGCAATATCGAAACACATGAAT 635  
509 ...ThrGlyLysArgSerThrSerAlaAlaValLeuGluAla.....Le 522  
636 TGGCGCGCGCATCTGCGGCTTGAGTGGCAGCGCACATTCATTCATCG 685  
522 uArgGluAlaHisPro.....IleValG 530  
686 AGCAGTCGCGCGGAATAAAACCGTGTGACCATCAATATCAAGACGTG 735  
530 luLysIle.....LeuGlnTyrArgGluLeu 538  
736 ATGCTATCGGACGTTTGTCTGTA..... 759  
539 ThrLysLeuLysSerThrTyrIleAspProLeuProAspLeuIleHisPr 555  
760 ...ACAGCGCGTCTCAATACC.....GAGCGCGTGTGCTTGG 796  
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrAlaThrG 572  
797 GCGGCTGCAAGTCAACAACCGCGCTC.....TTGCGTACC 834  
572 lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588  
835 GTTTTGGTGGCAAGTGCTCAACTTACCGCGCGGAA..... 873  
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheAlaGluGluGlyTrpLe 605  
874 .TTGTTGACGGGCAACCGCGTGTTCGGTTCGGTATTGAACGGTG 922  
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619  
923 CGATTGCAAGCGCGCATGATTATTGGGACGCTACCACAAATCAGATT 972  
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629  
973 TCCGTTATCGAAGAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTCCGGCTGGT 1016  
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTrpMe 646  
1017 TGGCGCGCGCGCG 1029





```

572  lyArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
      || |||::: :::: |||:::|||| ::::|::|::|
835  GTTTGGGTGGGAAGGTGCTCTCAACTTACCGCCGCCGAA..... 873
      ||||| :::: :::: |||:::|::|
589  ProLeuGlyGlnArgIleArgArgAlaPheIleAlaGluGluGlyTyrPLe 605
      .TTGGTTGACGCGCAACACCGCGTATTTCGCGTTCGGTATTGACCGGTG 922
      ||||| ||| ::::|::|::|
605  uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
      |||||
923  CGATTGCACAGGCGCCGATGATTATTGGAGCGCTACCAACATCAGATT 972
      ||||| ::::|::|::|
620  .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
      |||||
973  TCCGTTATCGAAGAAGGCCCGACG.....AAAGAGCGTGTCCGCTGGGTG 1016
      |||::|::|::|::|::|::|
630  ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerIrrPme 646
      ||| ::::|::|::|
1017  TGCGCCCGACGCGG 1029
      : |||
646  tPheGlyValPro 650

```

seq\_name: /cgn2\_6/ptodata/1/iaa/6A\_COMB.pep:US-08-682-853A-4

```

seq_documentation_block:
; Sequence 4, Application US/08682853A
; Patent No. 6001567
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Brow, Mary Ann D.
; APPLICANT: Grotelueschen Hall, Jeff S.
; APPLICANT: Lyamichiev, Victor
; APPLICANT: Olive, David M.
; APPLICANT: Prudent, James R.
; TITLE OF INVENTION: DETECTION OF NUCLEIC ACID SEQUENCES BY
; TITLE OF INVENTION: INVADER-DIRECTED CLEAVAGE
; NUMBER OF SEQUENCES: 69
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Medlen & Carroll, LLP
; STREET: 220 Montgomery Street, Suite 2200
; CITY: San Francisco
; STATE: California
; COUNTRY: United States Of America
; ZIP: 94104
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/682,853A
; FILING DATE: 12-JUL-1996
; CLASSIFICATION: 435
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/599,491
; FILING DATE: 24-JAN-1996
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Ingolia, Diane E.
; REGISTRATION NUMBER: 40,027
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: FORS-02306
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 705-8410
; TELEFAX: (415) 397-8338
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 832 amino acids
; TYPE: amino acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: protein
; US-08-682-853A-4

```

Mon Jul 1 09:25:34 2002

```

760 ....ACAGCGCTCTGAATACC.....GAGCGGTGGTTCCTTGG 796
|||||
555 oArgThrGlyArgLeuHisThrArgPheAsnGlnThrAlaThrG 572
|||||
797 GCGGCTGCAAGTCAACAAACCGCCCTC.....TTGCGTACC 834
|| ||||: ||||: ||||: ||||: ||||: ||||: ||||:
572 lYArgLeuSerSerSerAspProAsnLeuGlnAsnIleProValArgThr 588
|||||
835 GTTTTGGGTGCCAAGGTGTCTCAACTTACCGCGCGGAA..... 873
|||||
589 ProLeuGlyGlnArgIleArgAlaPheIleAlaGluGlyTyrLe 605
|||||
874 .TTGGTTGACGGGACACCGCGTGATTTCGGTTTCGGTATTGAACGGTG 922
|||||
605 uLeuValAlaLeuAspTyrSerGlnIleGluLeuArgValLeu..... 619
|||||
923 CGATTGCACAAGCGCGGCGATGATTATTTCGGACGCTACCAATCAGATT 972
|||||
620 .....AlaHis.....LeuSerGlyAspGluAsnLeuIle 629
|||||
973 TCGTTATCGAAGCGCGCAGC.....AAAGAGCTGTTGGGCTGGGT 1016
|||||
630 ArgValPheGlnGluGlyArgAspIleHisThrGluThrAlaSerTyrMe 646
|||||
1017 TGCGCCGCGACCG 1029
:
646 tPheGlyValPro 650

```